



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 13 839 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 13 839.3
㉑ Anmeldetag: 20. 3. 98
㉒ Offenlegungstag: 23. 9. 99

㉓ Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 13 839 A 1

㉔ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉕ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉖ Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Biochem.-Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosentahl, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

㉗ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

㉘ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brusttumor-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 839 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d. h. Genen; die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBlu-

escript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLeo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I. 5

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird. 15

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 20

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147. 25

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 72-76, 79-81, 84-92, 95-98, 102-104, 107-117, 119-127, 129-144, 147 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 68 kodiert werden. 30

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 71 bis 148 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können. 35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 enthalten. 40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulatorischen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 45

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 50

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 55

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen). 60

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 65

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

5 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq-Datenbank.

10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.

15 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

20

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

35 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

55 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

60 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	10
Brust	0.0053	0.0458	0.1165 8.5843	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899 11.1243	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843	15
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	25
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161	
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0.8939	
Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duendarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			35
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			40
Gastrointestinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			45
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock-Uterus	0.0228			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0082			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			65

2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related Protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
15	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
20	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
25	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
30	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
40	Entwicklung
	0.0000
	Gastrointestinal
	0.0062
	Gehirn
	0.0000
	Haematopoetisch
	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse
	0.0000
	Lunge
	0.0037
	Niere
	0.0000
	Prostata
	0.0000
50	Sinnesorgane
	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust
	0.0000
55	Eierstock-Uterus
	0.0000
	Endokrines_Gewebe
	0.0000
	Foetal
	0.0052
	Gastrointestinal
	0.0122
	Haematopoetisch
	0.0057
60	Haut-Muskel
	0.0000
	Hoden
	0.0000
	Lunge
	0.0410
	Nerven
	0.0000
	Prostata
	0.0449
65	Sinnesorgane
	0.0000

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. 5

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	10
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958	15
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267	20
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	25
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	30
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenn darm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				40
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				45
Lunge	0.0111				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0068				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0196	0.2039	4.9053
	Eierstock 0.0182	0.0156	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0219	0.0409	0.5358	1.8663
	Gastrointestinal 0.0174	0.0238	0.7328	1.3646
10	Gehirn 0.0534	0.0526	1.0160	0.9842
	Haematopoetisch 0.0154	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0398	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz 0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
15	Lunge 0.0224	0.0378	0.5926	1.6876
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett 0.0411	0.0300	1.3704	0.7297
	Niere 0.0297	0.1232	0.2412	4.1459
	Pankreas 0.0076	0.0276	0.2743	3.6460
20	Penis 0.0389	0.0267	1.4600	0.6849
	Prostata 0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus 0.0248	0.0356	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0218			
	Duenn darm 0.0156			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0216
35	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefuesse 0.0368
	Lunge 0.0481
	Niere 0.0124
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0279

45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0320
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0414
50	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0745
	Hoden 0.0312
	Lunge 0.0082
55	Nerven 0.0241
	Prostata 0.0321
	Sinnesorgane 0.0077

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495	5
Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230	
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	25
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010	
Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446	30
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758	
Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155	35
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0092				
Gehirn	0.0188				
Haematopoetisch	0.0079				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				50
Eierstock-Uterus	0.0091				
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0093				55
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0227				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0291				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1782	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0488			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	10
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306	
Haematopoetisch	0.0042	0.0009	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0009	undef 0.0000	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	20
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584	
Penis	0.0030	0.0003	undef 0.0000	
Prostata	0.0167	0.0128	1.3051 0.7662	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			25
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			35
Gastrointestinal	0.0062			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0000			60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust 0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
	Eierstock 0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe 0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
	Gastrointestinal 0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
10	Gehirn 0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
	Haematopoetisch 0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
	Herz 0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
	Hoden 0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
15	Lunge 0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Speicheldrue 0.0246	0.0055	4.4509	0.2234
20	Penis 0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
	Prostata 0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
	Uterus 0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duenn darm 0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0357			
	Samenblase 0.0356			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0165			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0247			
	Gehirn 0.0375			
35	Haematopoetisch 0.0118			
	Herz-Blutgefuesse 0.0204			
	Lunge 0.0296			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0249			
40	Sinnesorgane 0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
45	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0093			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0097			
50	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0000			
55	Sinnesorgane 0.0155			

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0281	0.4959	2.0163	5
Brust	0.0080	0.0414	0.1931	5.1778	
Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674	2.1393	
Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0354	0.7728	1.2940	
Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561	1.3226	
Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547	0.7382	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0149	0.1693	0.0881	11.3508	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713	
Herz	0.0381	0.0412	0.9249	1.0812	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0174	0.0615	0.2836	3.5259	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0383	0.2520	3.9685	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508	
Niere	0.0208	0.0548	0.3799	2.6323	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0180	0.1066	0.1685	5.9360	
Prostata	0.0119	0.0213	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0116	0.0285	0.4061	2.4622	
Brust-Hyperplasie	0.0109				
Duennndarm	0.0374				25
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	30
Gastrointestinal	0.0216	
Gehirn	0.0188	
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0245	
Lunge	0.0259	35
Niere	0.0062	
Prostata	0.0748	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0205	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0233	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0615	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0181	
Prostata	0.0192	55
Sinnesorgane	0.0387	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
10	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0208	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefasse	0.0041	
	Lunge	0.0148	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0058	
	Gastrointestinal	0.0244	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0246	
	Nerven	0.0020	
55	Prostata	0.0256	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0465	0.0051	9.0924 0.1100	
Brust	0.0107	0.0458	0.2330 4.2922	5
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671	
Endokrines Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838 2.0669	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	10
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477 0.8713	
Herz	0.0064	0.1649	0.0385 25.9489	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0120	4.2826 0.2335	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0310	0.0362	0.8554 1.1690	
Uterus	0.0116	0.0427	0.2708 3.6932	
Brust-Hyperplasie	0.0363			
Duenn darm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS	30
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0185	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefuesse	0.0082	
Lunge	0.0185	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0140	40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit	
Brust	0.1156	45
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0065	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0321	
Sinnesorgane	0.0077	55

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust 0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn 0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz 0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere 0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
20	Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis 0.0090	0.0333	0.1685	5.9360
	Prostata 0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus 0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0182			
	Duenn darm 0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0331			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0340
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0656
	Nerven 0.0030
55	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0387

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
Blase	0.0093		0.0026		3.6370	0.2750
Brust	0.0160		0.0545		0.2936	3.4065
Eierstock	0.0061		0.0078		0.7791	1.2836
Endokrines Gewebe	0.0091		0.0082		1.1163	0.8958
Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
Gehirn	0.0034		0.0000		undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000
Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
Herz	0.0021		0.0275		0.0771	12.9744
Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
Lunge	0.0025		0.0000		undef	0.0000
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
Pankreas	0.0019		0.0000		undef	0.0000
Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
Prostata	0.0048		0.0106		0.4475	2.2349
Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0218					
Duendarm	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0238					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0235					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0031					
Gehirn	0.0125					
Haematopoetisch	0.0039					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0074					
Niere	0.0000					
Prostata	0.0243					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0000					
Eierstock-Uterus	0.0046					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0041					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0070					
Prostata	0.0128					
Sinnesorgane	0.0000					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust 0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe 0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal 0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz 0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden 0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge 0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0166	0.2344	4.2753
20	Penis 0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
	Uterus 0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0534			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0307
	Gastrointestinal 0.0308
35	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0082
	Lunge 0.0370
	Niere 0.0062
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0114
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0099
	Gastrointestinal 0.0000
50	Haematopoetisch 0.0285
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0110
55	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0155

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef	5
Brust	0.0080	0.0261	0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507	
Endokrines Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465	2.2395	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953	1.0047	10
Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0125	0.0165	0.7524	1.3290	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213	
Pankreas	0.0019	0.0055	3.3428	2.9878	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680	20
Prostata	0.0524	0.0341	1.5381	0.6501	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duennndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	30
Gastrointestinal	0.0092	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0259	
Niere	0.0247	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0181	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0285	50
Haut-Muskel	0.0324	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0705	55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Peritoneum	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0123	
35	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefasse	0.0123	
	Lunge	0.0185	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0122	
50	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0130	
	Hoden	0.0312	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0070	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0046		0.0077		0.6062	1.6497	5
Brust	0.0040		0.0240		0.1668	5.9954	
Eierstock	0.0030		0.0130		0.2337	4.2786	
Endokrines Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0271		0.0095		2.8499	0.3509	
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0448		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef	
Lunge	0.0087		0.0071		1.2290	0.8137	
Magen-Speiserohre	0.0869		0.0230		3.7798	0.2646	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0180		0.0533		0.3369	2.9680	
Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470	
Uterus	0.0116		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duendarm	0.0125						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0118						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
							35
							40
							45
							50
							55
							60
							65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1461 6.8457
	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0109	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn 0.0051	0.0099	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
15	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	0.0000 undef
20	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0191	0.0106	1.7898 0.5587
	Uterus 0.0116	0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duennndarm 0.0062		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0062
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Herz-Blutgefuesse 0.0245
	Lunge 0.0074
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0122
50	Haematopoetisch 0.0456
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0050
55	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0120		0.0763		0.1573	6.3588	
Eierstock	0.0608		0.0234		2.5969	0.3851	
Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0245		0.2977	3.3593	
Gastrointestinal	0.0872		0.1000		0.8724	1.1462	
Gehirn	0.0017		0.0000		undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0149		0.0388		0.3826	2.6139	
Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0050		0.0355		0.1405	7.1196	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Prostata	0.0119		0.0958		0.1243	8.0455	
Uterus	0.0017		0.0214		0.0774	12.9263	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duendarm	0.0436						
Prostata-Hyperplasie	0.0119						25
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0470						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
							30
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0247						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0205						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0052						
Gastrointestinal	0.0366						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0321						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0182	0.0078	2.3372	0.4279
	Endokrines Gewebe	0.0164	0.0245	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0213	0.0190	1.1196	0.8932
10	Gehirn	0.0144	0.0186	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0248	0.0065	3.8257	0.2614
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0199	0.0165	1.2039	0.8306
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0132	0.0142	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0111	
	Niere	0.0185	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0140	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0068	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0058	
	Gastrointestinal	0.0488	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
55	Prostata	0.0385	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0067	0.0261	0.2548	3.9243	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	10
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duendarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
35	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0114	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0109	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499 0.3509	
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021 1.6609	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0597	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0064	0.0137	0.4624 2.1624	
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000 undef	
Lunge	0.0012	0.0095	0.1317 7.5943	15
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399 1.1905	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0143	0.0213	0.6712 1.4899	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenn darm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0031			
Gehirn	0.0250			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0245			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			45
Eierstock-Uterus	0.0297			
Endokrines Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0222			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0077			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock 0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
	Endokrines Gewebe 0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal 0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
10	Gehirn 0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
15	Muskel-Skelett 0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere 0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
	Pankreas 0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
	Penis 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
	Uterus 0.0153	0.0071	2.1429	0.4309
20	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duennndarm 0.0187			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0122			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0154
	Gehirn 0.0313
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0368
35	Lunge 0.0111
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
40	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0228
	Endokrines Gewebe 0.0245
45	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0156
50	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef	5
Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0036		0.0027		1.3396	0.7465	10
Gastrointestinal	0.0039		0.0048		0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0102		0.0077		1.3270	0.7536	
Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Herz	0.0000		0.0137		0.0000	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0240		0.1428	7.0051	20
Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0030		0.0267		0.1123	8.9040	
Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef	
Uterus	0.0017		0.0071		0.2321	4.3088	25
Brust-Hyperplasie	0.0036						
Duennndarm	0.0062						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0118						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026						

	FOETUS		30
	%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		
Gastrointestinal	0.0031		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		35
Herz-Blutgefuesse	0.0000		
Lunge	0.0111		
Niere	0.0000		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit		
Brust	0.0000		45
Eierstock-Uterus	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0000		
Foetal	0.0000		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		50
Haut-Muskel	0.0000		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0000		
Nerven	0.0040		
Prostata	0.0000		55
Sinnesorgane	0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0102	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
10	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327	3.0061
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0038	0.0442	0.0957	10.3573
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0143	0.0149	0.9588	1.0429
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0031	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0062	
	Prostata	0.0249	
40	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0228	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0216	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0648	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0050	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0093		0.0077		1.2123	0.8249	5
Brust	0.0067		0.0131		0.5096	1.9621	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0042		0.0175		0.2419	4.1338	
Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000	10
Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0064		0.0412		0.1541	6.4872	
Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000	
Lunge	0.0062		0.0000		undef	0.0000	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0120		0.1428	7.0051	
Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef	20
Prostata	0.0095		0.0021		4.4745	0.2235	
Uterus	0.0033		0.0142		0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036						
Duendarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
							30
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
Entwicklung	0.0307						
Gastrointestinal	0.0062						
Gehirn	0.0250						35
Haematopoetisch	0.0197						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0185						
Niere	0.0062						
Prostata	0.0249						
Sinnesorgane	0.0558						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0068						45
Eierstock-Uterus	0.0091						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0012						
Gastrointestinal	0.0244						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0070						
Prostata	0.0064						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0080	0.0174	0.4587	2.1801
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0034	0.0110	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0015	0.0021	0.0857	11.6773
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0285	0.1741	5.7450
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duendarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0031	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.1317	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0023	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
	Gastrointestinal	0.0122	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0453	
	Hoden	0.0078	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0010	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef	5
Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0082		0.4465	2.2395	
Gastrointestinal	0.0058		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0025		0.0307		0.0829	12.0569	10
Haematopoetisch	0.0140		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef	15
Lunge	0.0037		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675	
Niere	0.0000		0.0205		0.0000	undef	
Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000	20
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0071		0.0043		1.6779	0.5960	
Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duennndarm	0.0062						25
Prostata-Hyperplasie	0.0059						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226						
							30
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
Entwicklung	0.0000						35
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0197						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						40
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0204						45
Eierstock-Uterus	0.0023						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0023						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0114						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0030						
Prostata	0.0128						55
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust 0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal 0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
10	Gehirn 0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz 0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden 0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas 0.0114	0.0587	0.1939	3.4655
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duennndarm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0305			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.1537
	Gastrointestinal 0.0401
35	Gehirn 0.1126
	Haematopoetisch 0.0472
	Herz-Blutgefuesse 0.0164
	Lunge 0.0481
	Niere 0.0247
	Prostata 0.0499
40	Sinnesorgane 0.1954

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0544
	Eierstock-Uterus 0.0320
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0636
	Gastrointestinal 0.0610
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.1328
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0191
	Prostata 0.0064
55	Sinnesorgane 0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID, NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
Brust	0.0027	0.0109	0.2446 4.0878
Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000 undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349 2.9861
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
Gehirn	0.0263	0.0110	2.3997 0.4167
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000
Herz	0.0064	0.0275	0.2312 4.3248
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
Lunge	0.0112	0.0047	2.3702 0.4219
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458 1.3409
Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
Brust-Hyperplasie	0.0036		
Duenn darm	0.0125		
Prostata-Hyperplasie	0.0059		
Samenblase	0.0089		
Sinnesorgane	0.0000		
Weisse Blutkoerperchen	0.0044		

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0227	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0246	55
Nerven	0.0231	
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
10	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
20	Pankreas	0.0039	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0123	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0748	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204	
	Eierstock-Uterus	0.0091	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0070	
	Gastrointestinal	0.0366	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0356	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0010	
55	Prostata	0.0128	
	Sinnesorgane	0.0155	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	5
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399	
Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825	
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	10
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756	
Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0000	0.9723	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0111	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	
- Haut-Muskel	0.0453	50
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N		
Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996		
Brust	0.0000	0.0218	0.0000 undef	5	
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750 3.6368		
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef		
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125 1.4035		
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427		
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef 0.0000	10	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000		
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef		
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000		
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef		
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324 0.8831	15	
Magen-Speiserohre	0.0676	0.0767	0.8819 1.1339		
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000		
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef		
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570 0.4861		
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20	
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879		
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0249				
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25	
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140				
					30
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0154				
Gastrointestinal	0.0154				
Gehirn	0.0000			35	
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0041				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000			40	
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000			45	
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0000			50	
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000			55	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0131
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0093		0.0077		1.2123	0.8249	5
Brust	0.0053		0.0283		0.1882	5.3141	
Eierstock	0.0122		0.0130		0.9349	1.0696	
Endokrines_Gewebe	0.0347		0.0300		1.1569	0.8644	
Gastrointestinal	0.0136		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0153		0.0131		1.1612	0.8612	10
Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198		0.0065		3.0606	0.3267	
Herz	0.0127		0.0137		0.9249	1.0812	
Hoden	0.0122		0.0117		1.0447	0.9572	
Lunge	0.0212		0.0165		1.2792	0.7818	15
Magen-Speiserohre	0.0193		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120		0.0180		0.6662	1.5011	
Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0133		0.0030		1.0000	0.0000	
Penis	0.0030		0.0533		0.0562	17.8081	20
Prostata	0.0167		0.0064		2.6101	0.3831	
Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duennndarm	0.0125						
Prostata-Hyperplasie	0.0208						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0353						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0235						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0000						35
Haematopoetisch	0.0079						
Herz-Blutgefuesse	0.0041						
Lunge	0.0111						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0068						45
Eierstock-Uterus	0.0274						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0204						
Gastrointestinal	0.0244						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0421						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0151						
Prostata	0.0256						55
Sinnesorgane	0.0542						
							60
							65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0117
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0128		0.0000	undef	5
Brust	0.0040		0.0218		0.1835	5.4504	
Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0058		0.0095		0.6107	1.6375	
Gehirn	0.0000		0.0033		0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0012		0.0047		0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	20
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0048		0.0021		2.2373	0.4470	
Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duennndarm	0.0031						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061						
							35
							40
							45
							50
							55
							60
							65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	55
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	
		60
		65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Placenta 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0340
	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0146
	Gastrointestinal 0.0000
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0181
55	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0007	0.0000	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duendarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

FOETUS	
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefasse	0.0041	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0023	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0010	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0093	0.0196	0.4757	2.1023
Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582	0.6418
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386	1.1924
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
Pankreas	0.0133	0.0633	2.3559	6.4137
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenn darm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0092
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0082
Lunge	0.0296
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0210
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0131
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0247
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef	5
Brust	0.0013		0.0131		0.1019	9.8107	
Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114	
Endokrines Gewebe	0.0055		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gehirn	0.0068		0.0055		1.2386	0.8074	
Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000	10
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0047		0.0000	undef	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0000		0.0085		0.0000	undef	
Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duennndarm	0.0062						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						25
Samenblase	0.0178						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						

FOETUS							30
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0154						
Gastrointestinal	0.0031						
Gehirn	0.0063						
Haematopoetisch	0.0000						35
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Niere	0.0062						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						45
Eierstock-Uterus	0.0023						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0023						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0065						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						55

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
10	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0164	
	Lunge	0.0148	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0499	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0137	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0187	
	Gastrointestinal	0.0244	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0156	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0131	
55	Prostata	0.0321	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0153	0.2621	3.8153	
Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187	3.1376	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582	1.7916	
Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902	0.7751	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0265	0.0275	0.9634	1.0380	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	15
Lunge	0.0149	0.0260	0.5746	1.7403	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838	
Niere	0.0208	0.0342	0.6078	1.6452	
Pankreas	0.0019	0.0005	0.3428	2.9168	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697	
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0062				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0236				
Herz-Blutgefuesse	0.0286				
Lunge	0.0074				40
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0279				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0114				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0210				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0421				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0064				55
Sinnesorgane	0.0155				

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0035	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	
Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614	5
Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089 1.1002	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525 2.8368	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260 0.8881	
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	10
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0428	0.0117	3.6565 0.2735	
Lunge	0.0137	0.0142	0.9656 1.0356	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286 35.0255	
Niere	0.0178	0.0479	0.3721 2.6872	
Pankreas	0.0170	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0383	0.1864 5.3637	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenn darm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse Blutkoerperchen	0.0218			

FOETUS		30
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0123	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	35
Herz-Blutgefuesse	0.0164	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0185	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0140	40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0434	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0210	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0972	
Hoden	0.0468	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0151	
Prostata	0.0321	55
Sinnesorgane	0.0310	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9158
20	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duendarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0236			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843	
Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	10
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538	
Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenn darm	0.0093				25
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
10	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
20	Pankreas	0.0133	0.0442	0.2990	3.3335
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
60					
65					

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0067	0.0153	0.4368 2.2892	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500 1.0527	
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450 0.6079	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0997	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0218			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0157			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0171			50
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0077			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0116	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0062	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136	
	Eierstock-Uterus	0.0320	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0367	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0000	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878	
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5113	1.9410	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0128	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288	15
Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0031				25
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	
Lunge	0.0037	35
Niere	0.0185	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0160	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0064	55
Sinnesorgane	0.0155	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0080	0.0153	0.5242	1.9076	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557	
Endokrines Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907	
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257	3.0703	
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635	1.5071	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duennndarm	0.0031				25
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0074	35
Niere	0.0185	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0140	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0087	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0156	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0000	55
Sinnesorgane	0.0697	

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3423	2.9158
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
35	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0490	
	Foetal	0.0058	
	Gastrointestinal	0.0000	
50	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0010	
55	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0046		0.0665		0.0699	14.2976	5
Brust	0.0080		0.0436		0.1835	5.4504	
Eierstock	0.0061		0.0234		0.2597	3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0213		0.0571		0.3732	2.6795	
Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000	10
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0087		0.0142		0.6145	1.6273	15
Magen-Speiserohre	0.0290		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0119		0.0205		0.5789	1.7275	
Pankreas	0.0123		0.0276		0.4800	2.0855	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Prostata	0.0119		0.0106		1.1186	0.8939	
Uterus	0.0033		0.0071		0.4642	2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0073						
Duenn darm	0.0343						
Prostata-Hyperplasie	0.0208						25
Samenblase	0.0178						
Sinnesorgane	0.0353						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						

FOETUS							30
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0092						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						35
Herz-Blutgefasse	0.0000						
Lunge	0.0037						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0476						45
Eierstock-Uterus	0.0274						
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0052						
Gastrointestinal	0.0122						
Haematopoetisch	0.0000						50
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0064						55
Sinnesorgane	0.0000						

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal 0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
10	Gehirn 0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0039	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus 0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duennndarm 0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0154
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
40	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
	Eierstock-Uterus 0.0046
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0000
50	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0156
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0040
55	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223	5
Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320	
Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729	
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765	10
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753	
Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0114	0.0000	0.0000	0.0000	20
Penis	0.1258	0.1600	0.0000	1.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenn darm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0062	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0037	35
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
		40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0057	50
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0410	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0449	55
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
15	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.1011			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0065	0.2039 4.9053	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0035	0.0000 undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				30
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			40
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0046			50
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			55
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

5 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 10 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann.

15 Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

20 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der ange- mel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
1	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humäne NADH_ubiquinone oxidoreductase MLRQ-Untereinheit; sie stellt ein Enzym der Elektronen-Transportkette dar	265	513	unbkt.
2	ca. 9 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nicht bekannt ist	238	670	unbkt.
3	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich vermutlich um einen Transkriptionsfaktor	214	1845	unbkt.
4	ca. 6 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein", gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System" (fängt Proteinase-Aktivität ab)	238	1499	humanes Chromosom 4p16;3
5	ca. 30 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	"macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)", spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation	209	688	unbkt.
6	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes lamin B2 (LAMB2) Gen, Lamins bilden die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt, sie spielt eine wichtige Rolle in der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription	268	909	STS nicht kartiert.
7	ca. 4 x stärker im Pankreas als im entspr. Normalgewebe	regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde	260	930	unbkt.

Lfd.	Expression	Funktion	EST	Länge der angemel.	Chromos.
Nr.			Ausg.		Lokallisation
			länge	Sequenz	
8	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin-Familie), es schützt die Zelle vor oxidativen Prozessen.	260	989	unbkt.
9	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	276	2017	unbkt.
10	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 9x stärker im Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Fibromodulin, es stellt ein Proteoglykan des Knorpels dar	252	2233	Hum.Chro m. 1 zw. D1S477u D1S504 (219-222 cM)
11	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt und reguliert über die Actine die Zellbeweglichkeit	252	1365	Hum.Chro m. 2 zw. D2S289u. D2S388 (107-111 cM)
12	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 13 x stärker im Herztumor als im entspr. Normalgewebe	Östrogen-induzierbares Gen, dessen Funktion noch nicht verstanden ist	273	1597	Hum.Chro m. 18 zw. D18S1114 u. D18S468 (61-64 cM)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrom. Lokalisation
13	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "integrin-linked kinase (ILK)", steuert den Zusammenbau der Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin, ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen	296	1780	Hum.Chrom. 11 zw. D11S1318 u. D11S1338 (6-14 cM)
14	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	301	892	Hum.Chrom. 6 zw. D6276u. D6S439 (44-48 cM)

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
15	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Gegenstück des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"), spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel	263	992	Hum.Chro m. 14 zw. D14S63 u. D14S251 (59-65 cM)
16	ca. 11 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	menschliches Tim23, welches im Proteintnaslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist	260	1196	unbkt.
17	ca. 6 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	293	1105	unbkt.
18	ca. 7 x stärker im Brusttumor und im Blasen-tumor als im entspr. Normalgewebe	neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zum Maus "synaptosomal associated protein"	272	2006	Hum.Chro m. 7, zw. D7S499 u. D7S2429 (76-77 cM)
19	in Brusttumoren erhöht	human intestinal trefoil factor	246	834	unbkt.
20	in Brusttumoren erhöht	humane RNA polymerase II transcription factor	279	765	Chromoso m 13
21	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, hat geringe Homologie zu einem humanen Homeobox-Gen	245	779	unbkt.
22	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 17 x stärker im Hauttumor als im entspr. Normalgewebe	humane JAK1 Tyrosinkinase, ein US-Patent besteht	282	2327	STS nicht kartiert.
23	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	260	911	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der Ange-mel. Sequenz	Chromos. Lokali-sation
24	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines Gens von arabidopsis thaliana (Chromosom 7)	264	595	unbkt.
25	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, vermutlich humanes Gegenstück eines Gens von caenorhabditis elegans, das auf Cosmid R11H6 lokalisiert ist	251	886	unbkt.
26	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humane "macropain subunit zeta", ein Proteinbestandteil eines Proteosoms, das den Abbau von Proteinen und möglicherweise auch von RNA reguliert	239	1008	unbkt.
27	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 4 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	269	2273	unbkt.
28	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 6 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Cyclin D1, ein US-Patent besteht, gemäß einer Veröffentlichung wird Cyclin D1 in Pankreastumoren überexprimiert	252	3448	unbkt.
29	ca. 8 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Gehirntumor als im entspr. Normalgewebe	Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül	281	1579	STS nicht kartiert
30	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 3 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humanes 80K-L Protein, ein Substrat der Protein-Kinase C	270	3070	STS fehlt !

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
31	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	291	2751	unbkt.
33	Expression in Brusttumoren stark erhöht	Benzodiazepin-Rezeptor	275	890	KEINE ANGABE
35	im Brusttumor stark erhöht	Ubiquitin Oxidoreduktase	287	693	KEINE ANGABE
36	im Brusttumor stark erhöht	neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört (humanes Homolog zu KIF2)	282	1054	KEINE ANGABE
37	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen (Gehirn-, Blase-, Eierstocktumoren)	Lysozym	155	541	KEINE ANGABE
38	erhöht in Brust- und Prostatatumoren	unbekannt	291	1187	KEINE ANGABE
39	in Brust- und Penistumoren stark erhöht	putative Serin-/Threoninkinase	239	2281	STS WI- 13202 (Chrom. 6, Koordinate 761 CentiRays)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
40	im Brusttumor stark erhöht	putatives Kupfer-Aufnahme Gen	271	1759	STS WI-11879 (Chrom. 9, Koordinate 429.1 CentiRays)
41	im Brusttumor stark erhöht	Alpha Galaktosidase A	245	1447	KEINE ANGABE
42	im Brusttumor stark erhöht	neues Homologes zu humanem B-cell Wachstumsfaktor (BCGF-1)	151	831	KEINE ANGABE
43	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	263	528	KEINE ANGABE
44	im Brusttumor sehr stark erhöht	unbekannt	270	1027	Siehe PAC
45	in hämatopoetischen und Brusttumoren erhöht	Phosphatase	303	2160	KEINE ANGABE
46	im Brusttumor erhöht	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin	323	642	KEINE ANGABE
47	im Brusttumor stark erhöht	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11	266	1415	KEINE ANGABE
48	im Brusttumor erhöht	RNA-Helicase	261	2949	KEINE ANGABE
49	in Brust-, Blasen und Prostata Tumoren erhöht	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist	268	665	KEINE ANGABE
50	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	904	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
51	erhöht in Brust- sowie Prostata- und Skelettmuskel Tumoren	neue humane ATPase	291	1239	KEINE ANGABE
52	in Gehirn-, Brust-, Penis- und Pankreastumoren erhöht	unbekannt	260	966	KEINE ANGABE
53	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen Tumoren (Gastrointestinal, Gehirn, Niere, Pankreas, Prostata)	Homologes zum NAG-2 Gen	250	556	KEINE ANGABE
54	in Brust-, Pankreas- sowie Gastrointestinaltumoren erhöht	Arginin Methyltransferase	295	1349	KEINE ANGABE
55	in Brust- sowie anderen Tumoren (Herz, Skelettmuskel, Prostata) erhöht	unbekannt	284	2021	Chromoso m 17
56	nur im Brusttumor gefunden	Stromelysin	262	900	KEINE ANGABE
57	im Brusttumor erhöht	humanes GTP bindendes Protein	272	1212	Keine Angabe
58	im Brusttumor erhöht	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	242	494	Chrom. 11q12 pac pDJ363p2
59	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	729	Keine Angabe
61	im Brusttumor erhöht	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	241	1315	Keine Angabe
62	in Brust- und Uterustumoren erhöht	unbekannt	219	2011	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der ange-mel. Sequenz	Chrom Lokalisat.
63	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	246	2009	STS SHGC-32788 (Chrom.1, Koordinate 5089.0 Centirays)
64	in Brust- und Blasen Tumoren stark erhöht	Ets Transkriptionsfaktor	256	2269	Keine Angabe
65	im Brusttumor erhöht	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	246	1874	STS SHGC-34461 (
66	in Blasen- und Brusttumoren stark erhöht	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor	238	687	
67	im Brusttumor erhöht	möglicherweise eine Dehydrogenase	218	1528	
68	In Brusttumoren erhöht.	unbekannt	173	904	

DE 198 13 839 A 1

Tabelle II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.
5 3	71
9	72
	73
	74
	75
10	76
14	77
16	78
17	79
	80
15 18	81
19	82
20	83
21	84
	85
20	86
	87
23	88
	89
24	90
25 25	91
27	92
	93
29	94
31	95
30	96
	97
	98
33	99
	100
35 35	101
36	102
38	103
39	104
40	105
41	106
42	107
43	108
	109
	110
45 44	111
	112
	113
46	114
47	115
50	116
48	117
49	118
	119
50	120
55 51	121
	122
52	123
	124
	125
60 53	126
	127
54	128
55	129
	130
65	131
	132
	133

DE 198 13 839 A 1

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.	
56	134	
	135	
57	136	
58	137	5
59	138	
	139	
61	140	
62	141	
63	142	10
	143	
	144	
64	145	
66	146	
67	147	15
68	148	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

20

25

30

35

40

45

50

55

60

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) ANFORDERER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Brusttumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 513 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

```

CCTTCAGGTA GGAGGTCCTG GGTGACTTTG GAAGTCCGTA GTGTCTCATT GCAGATAATT 60
TTTAGCTTAG GGCCTGGGGG CTAGGTCGGT TCTCTCCTTT CCAGTCGGAG ACCTCTGCCG 120
CAAACATGCT CCGCCAGATC ATCAGTCAGG CCAAGAAGCA TCCGAGCTTG ATCCCCCTCT 180
TTGGATTTAT TGGAAGTGGG GCTACTGGAG CAACACTGTA TCTCTTGCGT CTGGCATTGT 240
TCAATCCAGA TGTTTGTGGG GACAGAAATA ACCCAGAGCC CTGGAACAAA CTGGGTCCCA 300
ATGATCAATA CAAGTTCTAC TCAGTGAATG TGGATTACAG CAAGCTGAAG AAGGAACGTC 360
CAGATTTCTA AATGAAATGT TTCACTATAA CGCTGCTTTA GAATGAAGGT CTTCCAGAAG 420
CCACATCCGC ACAATTTTCC ACTTAACCAG GAAATATTTT TCCTCTAAAT GCATGAAATC 480
ATGTTGGAGA TCTCTATTGT AATCTCTATT GGN 513

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cggatgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaaaa 670

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

35 ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
    tgggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcccac 120
    ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
    acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
    gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggeccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
40 gcagagtcac ctgttttggtg ggagcgggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgacttct 360
    gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc taccagagg 420
    ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgcaagg 480
    aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
    acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
45 ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660
    ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
    gacgccccaa tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
    gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttcttgaagg tggacctoct 840
50 cctggtcatt ggtaacctct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
    cctctccacc cctgcgctgc tcatcaacaa ggagaaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
    ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacagga1020
    cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc cttgctgagc tccttgatg1080
    gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
55 ggcgggggtc cccaaccca gcacttcagc ttccccaag aagtccccgc cactgccaal200
    ggacgaggcc aggacaacag agaggagaa accccagtg cagctgcac tcccaggcgg1260
    gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct cttaccagc1320
    agttcttgct tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact1380
60 ggggtcccag caaccctggc cccaacccc agcaaactct taacacctcc tagaggccaal440
    ggcttaaaca ggcattctta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
    acctccctca tctctaactg ccccaacggg gccagggcta cccagaact tttactctt1560
    ccaggacagg gagcttcggg ccccaactct gtctcctgcc cccgggggcc tgtggctaag1620
65 taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccaccccag1680
    cgtaggggga gtctgagccg ggagggctcc cgagtctctg ccttcagctc ccaagtggg1740

```

tggtgggccc ccttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa 1845

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1499 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

cggtctgagg gcgcccggga gggtcaggtc gtttctgcgc gggctcccgg cgctgctact 60
gctgctgctc ttccctgggc cctggcccgc tgcgagccac ggccggcaagt actcgcgga 120
gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtcggga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggccagcg actgcatctt cctcccgtga ggctggccga 240
gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttgccaag tatggtctgg acggaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420
cagtggcacc caggaagacg ggctggatga cccagggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct cggcgaaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaaggga gcgtcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgccaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgag cagagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcac ccctgctgga gggcgggacc aaggagctgg gctacacggt1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgcgt caggggtggct ggggctggca cgggtgtcga1200
ggcaggaagg attgtttctg gtgactgcag ccgtgcccgt cgcgacacag ggcttggtgg1260
tggttagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca1320
gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggctct1380
gatagtcctc tgctaaaaa acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgga1440
aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaataaaaa ggcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaatgca gacaagcagc cgagcttcga ggagttcag atgtgtgtgg cgagggtaac 360
ctgggcctcc cācgagaāgā tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagt gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct ctctctccaa gtcagtgtc tgtgtgtctt ttccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg                                     688

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 : 15

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccggttga ctttgccgac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggaccagg 120
gagcaggtga aagtgcagat cgcggcggcc aacgcgcgca aactgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct cctgggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacgc ccattgtcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggc cgcgatgtac 420
gtactgcctg cccggggcctt aggagggtgg caccgggtgt gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgcctcgc ccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttccctagt gtgccaagt cagcctcata ttctggcgcg acagcttgct tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggctctcag ctcctcctgg ttgggagaag 840
tccatcttcc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
acccctgcc 909

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel 45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

5  tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
   tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
   aatggcttcc aaaagagctc tggtcaccc tggctaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
   catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggct accgttgag gcctggctgg 240
   aaaagaccca gtacagtgtg gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccttgaaga 300
10  tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
   gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
   cctgatagcc gccatctgtg caggtcctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
   aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
15  ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg gccctggggc 600
   cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggtca 660
   agtgaaggct ccacttgctt ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
   aacagccgct taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta acaaaaacag tggtaggtta 780
20  atgtgttcag cgtgtgtgtg ccttactact tttgcggaag tatggaagtc accgttactc 840
   agagatttct cagctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttggtt gcagaataaa 900
   cagggcattt agcaaaactaa aaaaaaaaaa 930

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 989 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

   cgcgcggggc tctgtcacgc ggtttagct gcccggcggc ggcagaagcg gcgctcgcg 60
60  caaggacgt gtttctgcgc tcgctgtgtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
   actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttcctgctg 180
   ccggttgagg ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
   tgccacttct acgcgggttg acaagtgtac ccgggagagg catcccggt atcggtcgcc 300
65  gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360

```



```

acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttgggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggccctggatt aataccctc gaagacaagg aggacttggg 600 5
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatgggtga 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840 10
cctggtagtg aaacaataat cccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccgagg tctgtattat cctactgcc cataggaagt aaaatgagta ctacagcct 120 50
tgcgcctaata cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt ctctcttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaattttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420 55
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660 60
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaaagac 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactgggta caaagactcc aaacaatttc atgcctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900 65
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960

```

5 gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta1020
 tccaggggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
 aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc1140
 ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
 gtctatttgg atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
 gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
 gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal380
 10 acaggttgca caaaagttaa aataatggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
 attttacata ttttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
 acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
 ctatagtttc tataatttat tttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620
 15 aactttgttg cttttgtgtc gtgatgcttg gtctcagaag aaaaaataag atggtaaagt1680
 ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaaaca taaaagttaa ttttagagta1740
 gttttatatt aattacaaa ctttttcaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
 ttctctgtcc caatcttaaa atataaaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
 20 ggcatattcta tttatgtatc ctttaagggt gattttttaa aggcctttctc ttcatacttt1920
 tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttccaag1980
 caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

60 cggctcgagc ggcgcggaagt tccatgaggg gcctccggtc actgatcttg ctggacctga 60
 gttataacca ccttcggaag gtgcctgatg ggctgccctc agctottgag cagctgtaca 120
 tggagcacia caatgtctac accgtccccg atagctactt ccggggggcg cccaagctgc 180
 tgtatgtgcy gctgtccac aacagtctaa ccaacaatgg cctggcctcc aacaccttca 240
 attccagcag cctccttgag ctagacctct cctacaacca gctgcagaag atccccccag 300
 tcaacaccaa cctggagaac ctctacctcc aaggcaatag gatcaatgag ttctccatca 360
 65 gcagcttctg caccgtggtg gacgtcgtga acttctccaa gctgcagggtg ctgcgcctgg 420
 acgggaacga gatcaagcgc agggcatgcc tgccgacgcg cccctctgcc tgcgccttgc 480

```

cagcctcatc gagatctgag cagccctggc accgggtact gggcggagag cccccgtggc 540
atttggcttg atggtttggt ttggcttttg ctggaaggct caggatggac catgtgacag 600
aagtcacagg gcaccctctg tagtcttctt tcctgtagggt ggggttaggg ggggcgatca 660
gggacaggca gccttctgct gaggacatag gcagaagctc actcttttcc agggacagaa 720 5
gtggtggtag atggaaggat ccctggatgt tccaacccca taaatctcac ggctcttaag 780
ttcttcccaa tgatctgagg tcatggaact tcaaaagtgg catgggcaat agtatataac 840
catacttttc taacaatccc tggtgtgctg tgagcagcac ttgacagctc tccctctgtg 900
ctgggctggt cgtgcagtta ctctgggctc ccatttggtg cttctcaaaa tatacctctt 960 10
gcccagctgc ctcttctgaa atccacttca cccactccac tttcctccac agatgcctct1020
tctgtgcctt aagcagagtc aggagacccc aaggcatgtg agcatctgcc cagcaacctg1080
tggagacaac ccacactgtg tctgagggtg aaaggacacc aggagtcact tctatacctc1140
cctaacctca cccctggaaa gccaccagat tggaggtcac cagcatgatg ataataattc1200 15
tgacctgatg tgggaggaga cagccaacct caggcttaga tcaatgtata gggctatatt1260
ttggcagctg ggtagctctt tgaagggtga taagacttca gaagaggaaa ggccagactt1320
tgcttaccat cagcatctgc aatggggcaa acacacctca aattggctga gttgagaaa1380
cagccccagt agttccattc ttgcccagca ctctctgaaa tccaaacagc atcctacctg1440
ggtttttatc cacaaggtta ggggccacat ggttttttaa ttagagaaa cacagtttgt1500 20
cctctccttt tatccaagca ggaagattct atactctgat ggtagagaca gactccaggc1560
agccctggac ttgctagccc aaagaaggag gatgtggtta atctgtttca cctggtttgt1620
cctaaggcca tagttaaaaa gtaccagctc tggctggggt ccgtgaagcc caggccaggc1680
agccaaatct tgcctgtgct gggcatacaa ccctctgctt tcacatctct gagctatatc1740 25
ctcattagtg aagggtggctt ttgctttata gtttggctgg ggagcactta attcttccca1800
tttcaaaagg taatgttgcc tggggcttaa cccacctgcc ctttgggcaa ggttgggaca1860
aagccatctg ggcagtcagg ggcaaggact gttggaggag agttagccca agtataggct1920
ctgccagat gccatcacat ccctgatact gtgtatgctt tgaagcacct tccctgagaa1980 30
gggaagaggg gatcttttga ctacgttctt ggctccagac ctggaatcca caaaagccaa2040
accagctcat ttcaacaag gagctccgat gtgaggggca aggctgcccc ctgccccagg2100
gctcttcaga aagcatctgc atgtgaacac catcatgcct ttataaagga tccttattac2160
aggaaaagca tgagtgtggt ctaacctgac caataaagtt attttatgat tgcaataaaa2220
aaaaaaaaaa aaa 2233 35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

5  ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
   catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
   cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccggtgcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
   cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
10  tctgcacctg tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
   ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
   aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
   gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
   caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
15  aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
   aagtccaaca tcttggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
   gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
   atccaggctc tgggccccaa gcctgctctg aacqagggca acctgagga agactcaca 780
20  gtggacaagg caaatgccc ggcgcagct ctgtataagg tctctgagc caatggacag 840
   atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatctctgat 900
   gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
   gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcagat 1020
25  cagtacgcc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080
   aagcaatatt tcaaggactg gaaatgaggg tggcgctctt cctgccccat gctcccctgc 1140
   cccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgacagag tgccccctgc 1200
   agatgttcaa taaaggagac aagtgtttc ccagctcttt tctgcaaaa cctgccctgg 1260
30  gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
   agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

DE 198 13 839 A 1

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtggtttta gtacttctgt tgctgtgttc tgtcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tggaatggca acaggaattt tcattggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt ggggtttgtg atttttgtat tgaattatgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt tttaatattt aagttattct atcttgga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccgggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaata atgtctttta tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgctcatgag gctaaaata ccaagaagc ttatactgaa ttttaagcaa gaaataaagg 960
agaaaagaga aagaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaa cacaataatc 1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag 1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt 1140
catatactaa tttagtgtga catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa 1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaatgt tcgtgcgggt 1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaa 1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggtta cctggtttac aaaattatca 1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc 1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc 1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt 1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaaa 1597

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtcct gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgcgggga cgctgctatg gacgacattt tctactcagt cccggagggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcaactggcc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccctg 360
catctggcag ccagtcattg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accacccgca ctcgcccccg aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctgaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
ccagtgtatg gtgcctycca gtctccacct ctactctcat cacacactg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta calgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta 1080
gagccccca tcccacgaca tgcaactcaat agccgtagt taatgattga tgaggacatg 1140
actgcccga ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctg tcgcatgtat 1200
gcacctgctt gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcaagtctt ctgtgggaac tggtagacac ggaggtaccc 1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaaggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
ccatccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg 1560
cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctccccgc ctccagtcat ggtactaccc 1620
cagccatggg gtccatcccc ttccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc 1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tcccaacatg ggagggatca gccccgctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

aacgactcct	ggtacottgc	tcccattact	tcccgttttc	tcgatctgct	gctcgtctca	60	
ggctcgtagt	tcgccttcaa	catgccggaa	ccagcgaagt	ccgctcccgc	gcccagaag	120	5
ggctcgaaga	aagccgtgac	taaggcgcag	aagaaggacg	gcaagaagcg	caaggcagcc	180	
gcaaggagag	ctactccgta	tacgtgtaca	aggtgctgaa	gcaggtccac	cccgacaccg	240	
gcatctcttc	taaggccatg	ggaatcatga	actccttcgt	caacgacatc	ttcgaacgca	300	
tcgcgggtga	ggcttcccgc	ctggcgcatc	acaacaagcg	ctcgaccatc	acctccaggg	360	10
agatccagac	ggccgtgctg	ctgctgctgc	ccggggagtt	ggccaagcac	gccgtgtccg	420	
agggcaccaa	ggccgtcacc	aagtacacca	gcgctaagta	aacttgccaa	ggagggactt	480	
tctctggaat	ttcctgatat	gaccaagaaa	gcttcttatt	aaaagaagca	caattgcctt	540	
cggttacctc	attatctact	gcagaaaaga	agacgagaat	gcaaccatac	ctagatggac	600	15
ttttccacaa	gctaaagctg	gcctcttgat	ctcattcaga	ttccaaagag	aatcatttac	660	
aagttaattt	ctgtctcctt	ggtccattcc	ttctctctaa	taatcattta	ctgttccctca	720	
aagaattgtc	tacattaccc	atctcctctt	ttgcctctga	gaaagagtat	ataagcttct	780	
ggaattgctt	ggggggttgg	ggtaatatcc	tgtggtcttc	agccttgta	ggtatataat	840	20
ttgtatgctt	tttctcttaa	aaaaaaaaag	gaggaagaa	ggaagaggat	ggtatataat	892	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag	gattggctgt	tagcggcggtt	gtagttaagc	tcgtgtaacg	gcgggcggtgt	60	55
cggcagctgc	tgtagcgaag	agagtttggc	gcgatgtctc	acaccatttt	gctggtacag	120	
cctaccaaga	ggccagaagg	cagaacttat	gctgactacg	aatctgtgaa	tgaatgcatg	180	
gaagggtgtt	gtaaaatgta	tgaagaacat	ctgaaaagaa	tgaatcccaa	cagtcctctt	240	
atcacatatg	acatcagtc	gttggttgat	ttcatcgatg	atctggcaga	cctcagctgc	300	60
ctggtttacc	gagctgatac	ccagacatac	cagccttata	acaaagactg	gattaaagag	360	
aagatctacg	tgctccttcg	tcggcaggcc	caacaggctg	ggaaataatt	gtgttggaag	420	
cactgggggg	gttgggggtg	gcttggaaca	caggtgtgta	cagcgtgctg	tagtggaagt	480	
tttgtatcat	agtaatcctg	tttccacttt	gttatactct	agccaagatt	gactgtatta	540	65

```

gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
5 tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatactt actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcaactaagg gaagttcaat tactcctcag 960
10 ttcccatatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgcccg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcgga accactcggg 120
50 ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggctttttc ggagccggcg gacgaggta ctgcgacgcg gatttggtct gcgtcccgtc 240
aactggtagt aaccctctgt ctcttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttctttacg attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatgggtc 420
55 tcggctagga ttgaaggaaa ccagaacat ggcctgggtc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcaact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
caçagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggt gtcttcgagg 660
60 gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcattctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
65 ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg 1020
tttctctccc ccatgaacta gaaaaccact tactccaga attcaggtcg tgcttgtagt 1080

```


tactatatca ccaagtccat tcattttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
 aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggatttaggc cagcccccctg cctccccctcc cttccccccag gtataagagc tgagctcagg 60 40
 tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
 tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
 tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
 ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggaggggtggg aaggagacgc 300
 tgaccccttc tgagctacgg gacctggtca cccagcagct gccccatctc atgccgagca 360 45
 actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
 tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
 tccgggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tgttggggag agactgtggg 540
 cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcctc 600 50
 atctctgcaa agttcagctt ccttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
 gggagctcat ggggtggagg gtctccacca gagggaggct caggggactg gttggggcag 720
 ggatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
 acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840 55
 tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttcct aatctcttcc ccaatccaaa 900
 ccatagtctg ctgtccagtg ctctcttctt gcctccagct ctgccccagg ctctctcctag 960
 actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag ggttggggga gaggctgagg 1020
 agagtgtgac atgtggggag aggaccagct ggggtgcttg gcattgacag aatgatgggt 1080
 gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2006 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

tgcgagccga ggcgcccagc aagatggcgg cgcgagtgtc gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctcctgcagc gggcgccccc ctgcagcctc ctgccaggc tccggacatg 120
35 gacatcttcc agcaacagat ctgcagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaga ttcacgaaga taaacactac ctttgtactt tgggtggggac 360
40 ttggaacacg tggatatggc agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
45 acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccaggaa gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
50 gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
cttctccac cctccagaag gggccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
55 ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccacaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa 1380
60 taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttacatcat gtatttgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta 1620
65 gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aatgaacaa 1860

```

ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaagt1920
 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
 aatttcaca aaaaaaaaaa aaaaac 2006

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ccggaaccag	aactggaatc	cgcccttacc	gcttgcctgc	aaagcagtc	gggctgaact	60
gacctctccc	ctttgggaga	gaaaaactgt	ctgggagctt	gacaaaggca	tgcaggagag	120
aacaggagca	gccacagcca	ggagggagag	ccttccccc	gcaaacaatc	cagagcagct	180
gtgcaaacia	cgggtgcataa	atgaggcctc	ctggaccatg	aagcgagtc	tgagctgcgt	240
cccggagccc	acgggtgtca	tggctgccag	agcgcctctg	atgctggggc	tggctcctggc	300
cttgcctgtc	tccagctctg	ctgaggagta	cgtgggcctg	tctgcaaacc	agtgtgccgt	360
gccagccaag	gacagggtgg	actgcggcta	cccccatgtc	acccccaagg	agtgaacaa	420
ccggggctgc	tgctttgact	ccaggatccc	tggagtgcct	tggtgtttca	agccctgca	480
ggaagcagaa	tgcaccttct	gaggcacctc	cagctgcccc	cgcccggggg	atgcgaggct	540
cggagcacc	ttgcccggt	gtgattgctg	ccaggcactg	ttcatctcag	cttttctgtc	600
cctttgctcc	cggcaagcgc	ttctgctgaa	agttcatatc	tggagcctga	tgtcttaacg	660
aataaaggtc	ccatgctcca	cccaggagca	gttcttcgtg	cctgagactt	tctgagggtg	720
tgctttatct	ctgctgcgtc	gtggacagcg	ggagggtgtc	aggggagagt	ctgccagggc	780
ctcaagggca	ggaaaagact	ccctaaggag	ctgcagtgc	tgcaaggata	tttt	834

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

cggaacggg gcggacgagg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacgggtgt tcgaactgaa gcgcacgctc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
30 cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc ggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
35 caagaggccc atttccccc ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccttgggat gggctccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgtgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggtcca 600
gcctgtgtct taaaggcacc atggggacct ggggtgccct cagacccaag ccattgttag 660
40 gaggtagcca gccacaccaa ccaggccagg gggaggaaag ggaagggaatg ggacagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 779 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
50 (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
55 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
65 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcgccg tgcagcgggg 60
 tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
 gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
 gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcac cgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
 ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
 gctaactgtc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
 caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
 ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggt cacaacggtt 480
 gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcttgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
 cgggcccagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
 aactggacct gcaaggactc gctcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctgggtg 660
 gaggacctgg agcggagctg aggtcctctc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
 cccaccaaat catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
 aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
 tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggac 180
 caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaact tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
 agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaaacct tatcatgaga acattgtgaa 300
 gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatgggtatt aagctcatca tgggaatttct 360
 gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420

```

gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggaata 480
cgttcacccg gacttggcag caagaaatgt ccttggtgag agtgaacacc aagtgaata 540
5 tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaaattta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttcct gaaaatgata ggccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcctgccgt gccaccta 840
10 ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt ttaaaataag aagcatgaat 960
aacattttaa ttccacagat tatcaagtcc ttctcctgca acaaatgccc aagtcatttt1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt1080
15 cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaatattt gaaagcactt1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataacc accatttcat ctggctagt caccatcaca1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaa cgaggagtgt accaaaataa tatctgaaga1320
20 tgattgcctt tccctgctgc cagctgatct gaaaly.ttt gacggaacat taatcataga1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctacacagta ctagaccatg1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacauaa atgactgtat1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggtag ctgtggaata1620
25 gataatttgc tgcattgtta ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag1860
30 gggtttcata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta2100
35 gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tgggtcagtg2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta taaaaataa tatactaaag2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaaa ggggaag 2327

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

ccgggattgg	ctgcgggcct	cgcgaccctc	ctgcttccct	ccccgccccg	cgccgcctct	60	5
ctggtttgtg	cgcccgctcg	aggtcgagc	cctctttgtc	agctggagtt	gcgcgggctg	120	
acgcgccact	atgtagcggg	tttcgggcgg	gccacgcgtg	cgggacagga	acccaacccc	180	
agccgacctt	gagctccagg	agttcgtctc	ttacgtctgc	ggaagtgcag	ctgcttcagt	240	
tcttagcgca	ggttgacaac	tacaggcaca	agccattgaa	gctggaatgt	cctggtgctg	300	10
gtatttcaat	tgacttaagc	caactatccc	ttcagttaca	ataggaaagt	gcctctaata	360	
aggccaaata	tgctactaa	cttgtagcaa	ccacgtgtcc	gtgcagtgcc	acaggagcta	420	
gagcagtgc	aatgctgggt	gcaacagggc	agtgtagcag	gtgcttcagt	ttcacctttt	480	
caaccttttc	atttaattgt	cacaactcgg	aggtggattc	tgtaggggac	aggctgcccc	540	
aggaccactc	cgccccgct	aactcaatgc	agctgaccct	tacctgaat	actctgcagc	600	15
tgcattcctg	aaccgttatc	taggcgtat	agcaaggcca	ccagacttgc	tacaccgaag	660	
ccctctgggt	ggcacggggg	aggtcatgag	aaacgtggat	tacacccctt	tgtaaattcc	720	
tattttcaca	agataatata	ttgtaagccg	gtatgagat	tatatgttgt	aaagttaatt	780	
gaataaac	cccagggtct	ctctcccca	tataaacccc	tcattttgta	agcagggc	840	20
tgccacctcc	gactgtgga	gaagcctggc	aggttaataa	acttacttgg	cctgaaaagg	900	
gaaaagcaag	a					911	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

cccacgcgtc	cgccaggat	actgcgagta	tggcggcgctc	aaaggtgaag	caggacatgc	60	
ctccgccggg	gggctatggg	cccacgcgtc	acaaacggaa	cttgccgcgt	cgaggactgt	120	
cgggctacag	catgctggcc	atagggattg	gaacctgat	ctacgggcac	tggagcataa	180	60
tgaagtggaa	ccgtgagcgc	aggcgcctac	aaatcgagga	cttcgaggct	cgcacgcgc	240	
gttgccact	gttacaggca	gaaacggacc	ggaggacctt	gcagatgctt	cgggagaacc	300	
tggaggagga	ggccatcatc	atgaaggacg	tgcccgactg	gaaggtgggg	gagtcgtgtg	360	
tccacacaac	ccgctgggtg	cccccttga	tcggggagct	gtacgggctg	cgcaccacag	420	65

aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccttg tgccctccgg 480
 ccacctggat ccctgcccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
 aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta. 595

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
 cctgtcagag gccgattgta agctogctgt agaccatga tagcagaccc gtagtacta 120
 gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
 gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gcccgaatga gttcaagggtg 240
 tacatgggcc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
 gggagaagag ccatgaaagc agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
 agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
 gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
 atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
 gccaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaaatc tgccctcacc tcacctttt 600
 ccaacttgcc caggaagtg gaggttccct ctttcctttc cctcttgta ggtcatccat 660
 gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
 ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
 tggcttgacc tgcagaagat acccaagtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagttctgg 840
 ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26 :

25

```

ccttagtact gcgcccggtg gggtaggttg gctgccggtg agttgggtgc cggtaggagtc 60
gtgttgggtcc tcagaatccc cgcgtagcgc tgccctcctcc taccctcgcc atgtttctta 120
cccggctctga gtacgacagg ggcgtgaata ctttttctcc cgaaggaaga ttatttcaag 180
tggaatatgc cattgaggct atcaagcttg gttctacagc cattgggagc cagacatcag 240
aggggtgtgtg cctagctgtg gagaagagaa ttacttcccc actgatggag cccagcagca 300
ttgagaaaat tgtagagatt gatgtctaca taggttgtgc catgagtggg ctaattgctg 360
atgctaagac ttttaattgat aaagccagag tggagacaca gaaccactgg ttcacctaca 420
atgagacaat gacagtggag agtgtgaccc aagctgtgtc caatctggct ttgcagtttg 480
gagaagaaga tgcagatcca ggtgccatgt ctcgtccctt tggagtagca ttattatttg 540
gaggagttga tgagaaagga cccagctgtt ttcatatgga cccatctggg acctttgtac 600
agtgtgatgc tcgagcaatt ggctctgctt cagaggggtg ccagagctcc ttgcaagaag 660
tttaccacaa gtctatgact ttgaaagaag ccatcaagtc ttcactcacc atcctcaaac 720
aagtaattga ggagaagctg aatgcaacaa acattgagct agccacagtg cagcctggcc 780
agaatttcca catgttcaca aaggaagaac ttgaagaggt tatcaaggac atttaaggaa 840
tcctgatect cagaacttct ctgggacaat ttcagttcta ataatgtcct taaattttat 900
ttccagctcc tgttcttgg aaaatctcca ttgtatgtgc attttttaaä tgatgtctgt 960
acataaaggc agttctgaaa taaagaaaat tttaaaatta aaaaaaaaa 1008

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gtttagccgtc ccagcgggtt aagtggaact ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc cttataaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcactctg gaccttttaa aacacaaatt ttaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga ccttgaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atgtgtgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggcttta ggtaattttt 660
taggaagatc ttgcatgcc aacaggagta attttattgt gggtcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
gggtccagaaa caaattttta actgagtgag agtctataga atccatactg cagatgggtc 1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgc 1080
ttagtgtctg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggt 1140
tatgtaacaa agtaattggt ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt 1200
ttaagcatcc ttttttttga aaagtgttga aagtgtgtta gcactctgtt actcaaagga 1260
taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagttta cctcctctgc 1320
tctttgccac ccgataactg gatattcttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt 1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc 1440
agtgtgcagt ttaggggtca tgataaatca ttgaaccaca tggtaacaa etgaatgcca 1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattct taattggaat 1560
aatggatcaa aaatagtggt tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaatcaal 1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttggg ggatgtttga 1680
aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggctcttcc tatcttaacc 1740
aacgttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt 1800
aaaaaagtgg attttttaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaaa 1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattat 1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggg ggattttcct 1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgttt 2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa 2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat 2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat 2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25

tgtggggccac	tgtggtagtg	gaggtggggg	gtttgggagg	ctgcgtgccca	gtcaagaaga	60
aaaaggtttg	cattctcaca	ttgccaggat	gataagttcc	tttccttttc	tttaaagaag	120
ttgaagttta	ggaatccttt	ggtgccaaact	ggtgtttgaa	agtagggacc	tcagagggtt	180
acctagagaa	caggtgggtt	ttaagggtta	tcttagatgt	ttcacaccgg	aagggtttta	240
aacactaaaa	tatataattt	atagttaagg	ctaaaaagta	tatttattgc	agaggatggt	300
cataaggcca	gtatgattta	taaatgcaat	ctccccctga	tttcttctgc	ctttgatggt	360
acagatttaa	tacagtttat	ttttaagat	agatcctttt	ataggtgaga	aaaaaacaat	420
ctggaagaaa	aaaaccacac	aaagacattg	attcagcctg	tttggcgttt	cccagagtca	480
tctgattgga	caggcatggg	tgcaaggaaa	attagggtac	tcaacctaat	ttcggttccg	540
atgaattcct	atccccctgc	ccttccttta	aaaaacttag	tgacaaaata	gacaatttgc	600
acatcttggc	tatgtaattc	ttgtaatttt	tatttaggaa	gtgttgaagg	gaggtggcaa	660
gagtgtggag	gctgacgtgt	gagggaggac	aggcgggagg	aggtgtgagg	agccccaaca	720
acttcctgtc	ctactaccgc	ctcacacgct	tcctctccag	agtgatcaag	tgtgaccggg	780
actgcctccg	ggcctgccag	gagcagatcg	aagccctgct	ggagtcaagc	ctgcgccagg	840
cccagcagaa	catggacccc	aaggccgccc	ggaggaggga	aaaggaggag	gaggaggtgg	900
acctggcttg	cacacccacc	gacgtgcggg	acgtggacat	ctgagggcgc	caggcaggcg	960
ggcgccaccg	ccaccgcag	cgagggcgga	gccggcccca	ggtgctcccc	tgacagtccc	1020
tcctctccgg	agcattttga	taccagaagg	gaaagcttca	ttctccttgt	tgttggttgt	1080
tttttccttt	gctctttccc	ccttcctatc	ctgacttaag	caaaagaaaa	agattaccca	1140
aaaactgtct	ttaaaagaga	gagagagaaa	aaaaaaatag	tatttgcata	accctgagcg	1200
gtgggggagg	agggttgtgc	tacagatgat	agaggatttt	atacccaat	aatcaactcg	1260
tttttatatt	aatgtacttg	tttctctgtt	gtaagaatag	gcattaacac	aaaggaggcg	1320
tctcgggaga	ggattagggt	ccatccttta	cgtgtttaaa	aaaaagcata	aaaacatttt	1380
aaaaacatag	aaaaattcag	caaaccattt	ttaaagtaga	agagggtttt	aggtagaaaa	1440
acatattcct	gtgcttttcc	tgataaagca	cagctgtagt	ggggttctag	gcatctctgt	1500
actttgcttg	ctcatatgca	tgtagtcact	ttataagtca	ttgtatgtta	ttatattccg	1560
tagtagatgt	gtaacctctt	caccttattc	atggctgaag	tcacctcttg	gttacagtag	1620
cgtagggggg	ccgtgtgcat	gtcctttgcg	cctgtgacca	ccacccaac	aaaccatcca	1680
gtgacaaacc	atccagtgga	ggtttgtcgg	gcaccagcca	gcgtagaggg	tcgggaaagg	1740
ccacctgtcc	cactcctacg	atacgtact	ataaagagaa	gacgaaatag	tgacataata	1800
tattctattt	ttatactctt	cctatttttg	tagtgacctg	tttatgagat	gctggttttc	1860
taccaaacgg	ccctgcagcc	agctcacgtc	caggttcaac	ccacagctac	ttggtttgtg	1920
ttcttcttca	tattctaaaa	ccattccatt	tccaagcact	ttcagtccaa	taggtgtagg	1980
aaatagcgct	gtttttgttg	tgtgtgcagg	gagggcagtt	ttctaattga	atggtttggg	2040
aatatccatg	tacttgtttg	caagcaggac	tttgaggcaa	gtgtggggcca	ctgtggtggc	2100

```

    agtggagggtg ggggtgtttgg gaggtctgctg gccagtcagg aagaaaaagg tttgcattct2160
    cacattgccg ggatgataag ttcttttctt tttcttttaa gaagttgaag tttagggaatc2220
5   ctttgggtgcc aactgggtgtt tgaaagtagg gacctcagag gtttacctag agaacagggtg2280
    gtttttaagg gttatcttag atgtttcaca ccggaagggtt tttaaactact aaaatatata2340
    atttatagtt aaggctaaaa agtatattta ttgcagagga tgttcataag gccagtatga2400
    tttataaatg caatctcccc ttgatattaa cttctgcct ttgatgttac agatttaata2460
10  cagtttattt ttaaagatag atccttttat aggtgagaaa aaaacaatct ggaagaaaaa2520
    aaccacacaa agacattgat tcagcctgtt tggcgtttcc cagagtcatc tgattggaca2580
    ggcattgggtg caaggaaaat taggggtactc aacctaagtt cggttccgat gaattcttat2640
    cccctgcccc ttctttttaa aaacttagtg acaaaataga caatttgac atcttggcta2700
    tgtaattctt gtaattttta ttttaggaagt gttgaaggga ggtggcaaga gtgtggaggc2760
15  tgacgtgtga gggaggacag gcgaggaggag gtgtgaggag gaggtctccg aggggaaggg2820
    gcggtgcccc caccggggac aggcgcgagc tccattttct tattgcgctg ctaccgttga2880
    cttccaggca cggtttgaa atattcacat cgcttctgtg tatctctttc acattgtttg2940
    ctgctattgg aggatcagtt ttttgtttta caatgtcata tactgccatg tactagtttt3000
20  agttttctct tagaacattg tattacagat gcctttcttg aggttttttt tttttttatg3060
    tgatcaattt tgacttaatg tgattactgc tctattccaa aaagggtgct gtttcacaat3120
    acctcatgct tcacttagcc atggtggacc cagcgggcag gttctgcctg ctttggcggg3180
    cagacacgcg gcgcgatcc cacacaggct ggccggggcc ggccccgagg ccgcgtgcgt3240
25  gagaaccgcg ccggtgtccc cagagaccag gctgtgtccc tcttctcttc cctgcgcctg3300
    tgatgctggg cacttcactg gatcgggggc gtagatcata gtagttttta cagctgtgtt3360
    attctttgcg tgtagctatg gaagttgcat aattattatt tatattataa caatgtgtct3420
    acgtgccaca gggcgttgta ctgtagga                                     3448

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

    gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
    tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgcgttg ggtcgcgaac 120
65  agagccccgg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggccccgg 180
    tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggccccgcag atactggttt 240
    aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300

```

```

ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tctcggggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatgggt cagcactggc 540 5
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgccgccc 780 10
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960
gccttcacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020 15
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggcccgg agagccggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gcccagtctt ctatccccc ctaaaaaaga ccaagcattg atgcccagt tttggaaata1200
tcttcttctt aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaacta cctttaaact1260
gtgaagtcg tttattttgc tgtttccctt ccattgcctgt gaattgggtg ttgtgctccc1320 20
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcctg gtagatcag gcagggatac ttgggattta gacaggtggc accggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttcccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560 25
ggccctggga aggc
1574

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070.Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg tttaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
ggtgtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgccg agcctcgtca gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc ccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180 65
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctccccggtt tgtttgttgg agtgggtgcca 240

```

```

5  ggtactgggtt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtcttttttt 300
   attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt ttttctccc ctccccacag 360
   atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
10  cttcttcttc tgccttggtt ctcttttatt ttttattttt tgcgcatcagt attaatgttt 480
   ttgcatactt tgcattctta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
   ccataatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
   aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatggtgt 660
15  aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
   ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
   ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
   tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900
   ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
20  ggggtgtttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa1020
   gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcattcttg accttttaaa1080
   acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat ggttactggt tatactgtgg1140
   tatgtttttg attacagcag ataatgcttt ctttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
25  aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcctttgtt ctatcatggt ttgtaaatac1260
   tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaaatgta actttgctta caaaaattgc1320
   tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380
   atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt tttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
   tagttcttag cctaattttt aggaagatct tgcattgcat caggagttaa ttttattgtg1500
30  gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
   aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
   ttttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt1680
   tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740
   gccattctct tgcattcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtgaga gtctatagaa1800
35  tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaagtgtt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
   tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
   taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
   atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
   tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
   tagtttacct cctctgctct ttgccaccg ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160
   ctaaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
   ttttgctggt tttgagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280
40  gtaacactg aatgccaaat cttaaactca ttgaaaaat aacaaattag gtttgaacac2340
   gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400
   gctactaata aaatcaata acacttagaa gggtagtat ttttagttag ggtttcttga2460
   tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtta ccaaaggact gatttatggg2520
   tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgctggt2580
45  atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
   aaaatcctgt tagcaaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
   attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
   agttgggtga ttttctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
50  tttgtacatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
   aatagctttg agattaagga aaaataaata actctgttac agttcagtat tgtctattaa2940
   atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtggtt acaaaaact tctctgggt3000
   tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaaa aaagttttac cagttgatat3060
55  aaaaaaaaaa 3070

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
- 65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

25

tggggctgga	gtgcactagt	ctttttgctt	ggtagttttg	catggtttag	ggttaaaaat	60
aattccgaag	atacaccagc	tcacaaatga	aaacgtcagc	ctctgcgcca	ccctccctcc	120
tgcccaaagt	gaatttggtg	ctcagaaaag	aactgtttat	accactcacc	tttctcccag	180
catgtactca	ctgtgggcag	atgcaccaat	acatggtaat	cctcttactc	attttaagac	240
gtaggaaact	caatattctt	ctctaaccat	atacgatagg	gctcttcgct	tttaatgata	300
tctgggattt	ctgtggaact	tggcaaattt	tcaagagcacc	ttcactcaca	taatgtcatt	360
tgaacctcac	aatgttcttg	ggatggagtc	agttgttcag	ggccccctg	tgtgtgataa	420
gcagtgtctg	ctggctgtct	tcagaactct	tggaaatctt	tacacatgcg	agtgttaacc	480
actttgagca	aggctgcctt	ctttagatag	acttgctgtt	ctttatgaca	gggatcagtg	540
gcatttggtt	cctagcagta	tttagcacct	ttttgccacc	ttgggtgaaca	gaaaattgta	600
ttttcctgtc	tttcatggct	gaaaacaaaa	gtaatgggaa	ttttaaatat	gtttgcagaa	660
actgccccct	ccctcattga	gggtcactgc	tcaagagtgc	aggagtggac	tctccactga	720
tgggtctccc	cccccatcct	gggttccatc	ccgggctggt	tactctgttt	ggtttgaaga	780
ctgacagcca	gcctggctca	ttctcattat	tggctagtta	gctttcttta	tcaacctgct	840
cactcacaaa	tgtgtgccct	cagccagaga	gtaagaaagc	ccaaatctgt	tacagcttct	900
aaaaaaatag	atttctaatt	tgtcctactc	atgttaggag	cattatcttt	gaaggtaaaa	960
catagtgtat	cattgtgtaa	actcccaggc	ttgatgtagc	agaagagatc	atttctggag	1020
gcttcagcaa	tggaatttag	cattataaga	gagattggac	aaaccagtcc	aaagtgggtcc	1080
gagttcttaa	atccaggtag	ggaactcact	cttctttctt	ctctggacct	aattgggcat	1140
tgggctttag	tgagaccaca	gaccaggccc	gtctctcctg	taggctttta	attcaatggc	1200
aactctattt	caaagaataa	aagccttttg	agagttgcgg	cagttctggg	ggcgggctca	1260
ggagagtcca	tagatcagcc	gtaactggaa	cgtagaatct	acgtctgcct	ctgaatggac	1320
ttcccacctc	ctctctcttg	ctctgatgct	tgccctggg	cctctccatg	cccaagggtg	1380
tctttcatcc	ttgacaggct	ggtaatgtgc	tggccacctc	cagctcctgc	atcgagtctg	1440
taaaccagag	ctggttctca	tggccttcgt	cacgatacca	ggatacggag	gggagcccag	1500
ggccatccat	accaccccca	gggtaacggg	gctggcctgg	cattagtcat	tatttagttt	1560
ccaggccaac	catccagata	gagattccct	ctttcctttg	agcagtgtct	tcaagagctc	1620
cgtgcctgtc	cacaatgacc	tagagtgcac	cctgctcatt	gtcagtgtag	cccctcgccc	1680
ctatattcat	ccaggatact	tgggaagtgc	aaaataggaa	gggattcggc	tttcaacttt	1740
gtaccatctt	tccctgaagc	aggaaaatga	acatggactt	aaatgttctt	tgaaaaaac	1800
aaagttttaa	gatttgctgt	gtgatgaagt	gacagggagg	gccggagtca	gcaggtgcc	1860
gactttctgt	tctgtctgcc	atgggtttgt	ccagctcagg	tagctctagg	agcaccatcc	1920
tgccctagca	gagcccaggc	cttgccctca	tgaagcatca	ttgaaatagc	aggagcatgt	1980
tgatttcttg	gttaggttgc	attataataa	caagagtcag	aacattaatt	cgaacaact	2040
tgcagtatgc	atttcttcac	accagtacat	tcttaagtgt	acttgtttat	aaggaataac	2100
ataaactaat	ctgtacctt	atatatatgt	gtgtgtacat	atatacatat	ataaactgt	2160

65

tagtgtacat ggtaatgatt tattgcratg ccccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
 cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacctcct2280
 5 gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
 atgctcaggg tccccatgtg cctgttgttc agccctctct cttgttccct ttctgagcat2400
 gtgggtccttc cccaggctgt gggacagctg cttccccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
 gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
 10 catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac2580
 cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagca ttgtgtaaat2640
 aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggg aattttctgt atatttggaa tatttggggt2700
 aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

20 (i) SEQUENZCHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

50 ggcggcgggg aggggggggg cgcatgcggg gacagcgggc tggctaactc ctgccaggca 60
 gtgcccttcc cggagcgtgc cctgcgcgct gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
 atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttacagctgg cgccagcct ggggtgcttc 180
 gtgggtcctc gctttgtcca cggcgagggg ctccgctggg acgcccgcct gcagaagccc 240
 tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctacagccatg 300
 55 gggtagcggt cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
 cccctgggac tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
 ggtgccccgac aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcgga 480
 gactaccgt ggcctggtag caggtgagcc cgctggcgcc ccgcctgctc taccctacc 540
 60 tggcctgggt ggccttcgag accacactca actactgctg atggcgggac aacctaggct 600
 ggcgtggggg acggcggtg ccagagttag tgcccgccc accagggact gcagctgcac 660
 cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
 gctagtctgt cagggccttg gccaggggt cagcagagct tcagaggtgg cccacactga 780
 gccccacccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttgaaca 840
 65 tggaatttta taagctgaat aaagttttt acttccttta aaaaaaaaaa 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 693 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgtccctttca tccgggcggt tgcctgcagc aagatggcgg cggctcctaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttggtggc gagaaggga gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120 35
gttccgacca ggtcggttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgaataa catgcagtct 300
ggagtaazaca acacaaagaa atygaagatg gagtttgata ccaggagagc atgggaaaat 360 40
cctttgatgg gttgggcac aacggctgat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggttc caaaaccaa gtccaagtct tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaatata tctcttaatc tcctaataaa 660 45
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa 693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare 50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel 55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcagc cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagctcagc acgcggccgg aggatctcgg ggagacgtc tgcctcctca aggtctcaga 120
ccgagtggtt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc aggttccgc gccgtcagg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gtcaccggg acccctgca cccctacgcc 240
gtcccctggc agtcctccat gcccagtcg cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggg ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgctgct gctgaagtga tcaccccccg ccccccagccc tgcatcaggc 540
cacaggtctt ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc cccgccaagt ggtaaccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggt ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gtcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca ggtgaggggt tgtgccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 541 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

aaaaatattt	gctggaaagg	acggtgggag	gattacaggc	gtgagccact	gcgcccggcc	60	5
acattcagtt	cttatcaaag	aaataaccca	gacttaattct	tgaatgatac	gattatgccc	120	
aatattaagt	aaaaaatata	agaaaagggtt	atcttaaata	gatcttaggc	aaaataccag	180	
ctgatgaagg	catctgatgc	cttcattctgt	tcagtcattct	ccaaaaacag	taaaaataac	240	
cactttttgt	tgggcaatat	gaaattttta	aaggagtaga	ataccaaagt	atagaaacag	300	
actgcctgaa	ttgagaattt	tgatttttta	aagtgtgttt	ctttctaaat	tgctgttcct	360	10
taatttgatt	aattttaattc	atgtattatg	attaaatctg	aggcagatga	gcttacaagt	420	
attgaaataa	ttactaatta	atcacaaatg	tgaagttatg	catgatgtaa	aaaatacaaa	480	
cattctaatt	aaaggctttg	caacacaaaa	gaaagaaaaa	aagaaaagaa	aagggaagg	540	
g						541	15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg	ccattcacca	acccggccccg	caaggacgga	gcaatgttct	tccactggcg	60	50
acgtgcagcg	gaggagggca	aggactaccc	ctttgccagg	ttcaataaga	ctgtgcaggt	120	
gcctgtgtac	tcggagcagg	agtaccagct	ttatctccac	gatgatgctt	ggactaaggc	180	
agaaactgac	cacctctttg	acctcagccg	ccgctttgac	ctgcgttttg	ttgttatcca	240	
tgaccgggtat	gaccaccagc	agttcaagaa	gcgttctgtg	gaagacctga	aggagcggta	300	
ctaccacatc	tgtgctaagc	ttgccaacgt	gcgggctgtg	ccaggcacag	accttaagat	360	55
accagtattt	gatgctgggc	acgaacgacg	gcggaaggaa	cagcttgagc	gtctctacaa	420	
cgggacccca	gagcaggttg	cagaggagga	gtacctgcta	caggagctgc	gcaagattga	480	
ggcccgggaag	aaggagcggg	agaaacgcag	ccaggacctg	cagaagctga	tcacagcggc	540	
agaçaccact	gcagagcagc	ggcgacgga	acgcaaggcc	ccaaaaaga	agctacccca	600	60
gaaaaaggag	gctgagaagc	cggctgttcc	tgagactgca	ggcatcaagt	ttccagactt	660	
caagtctgca	ggtgtcacgc	tgccggagcca	acggatgaag	ctgccaagct	ctgtgggaca	720	

```

gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
5 gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcc aaccagcatc aggccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtccctgaccc caaggacacc1020
atcattgatg tgggtggcgc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
tccagctcat ctccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtgggc1140
10 gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: single

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

45 gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc ttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaacctatc gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
50 aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctcttcc cagactgctg acaaattgta ctttgccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
55 atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
gggtgtgctt gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
60 gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcagt cttcttctcc ttaattaact1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtggggcca1080
65 acgacctacg gcactttgac cccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca1140

```

```

agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtaagga agctgccgag gctttcctag1200
gcttttccta tgcgcctccc acggactctt tccctgaac cctgttaggg cttgggtttta1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgccagctga1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact1380 5
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctcctcagtg agctcatgag gttttcattt1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gttagagtgc cgccttagac1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggagc ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg1680 10
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt1740
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtttaataact aaaattttatt gaaatggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920 15
tagaaagggt ttttatggac caatgcccc a gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaacac acatggtgtg tactgtaatt aacatgggtta2160 20
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acatgatttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c 2281

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccctg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctcagataca gcggtgcttc 120 60
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtctct ctggcatggc cctttcggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaaacc tccatcagcc agcagacat cgcagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccacca caggtggtat ttgtgtcact 360 65

```

```

ttggccagtc tctaattccat gtcattccagg tgggtcatcgg ctacttcatc atgctggccg 420
taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
5 tggagggaca tggagccccc tcttccagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggagcccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
10 gtggcagggg tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccaggagaga gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960
ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tatttttccc1080
15 attgaactcc tagttggcaa ttttgacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagacctt tttccctttc ttggggagag1200
aataagtga agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctgggtttatt1260
ctctgat ga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcagcaagaa gatactctga1320
20 tggccgtggg tgcctgggca gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
25 tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac tttataaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tgggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaatatat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcaggggt
1759

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggctctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attattttaat 60
aagtcacggg tgattgggtcc gcccctgagg ttaattctaa aagcccaggt taccgcgga 120
65 aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180

```

tgcgcgcttg	cgcttcgctt	cctggccttc	gttcctctgg	acatccctgg	ggctagagca	240	
ctggacaatg	gattggcaag	gacgcctacc	atgggctggc	tgactggga	gcgcttcatg	300	
tgcaaccttg	actgccagga	agagccagat	tcctgcatca	gtgagaagct	cttcatggag	360	
atggcagagc	tcatggtctc	agaaggctgg	aaggatgcag	gttatgagta	cctctgcatt	420	5
gatgactgtt	ggatggctcc	ccaaagagat	tcagaaggca	gacttcaggc	agaccctcag	480	
cgctttcctc	atgggattcg	ccagctagct	aattatgttc	acagcaaagg	actgaagcta	540	
gggatttatg	cagatgttgg	aaataaaaacc	tgcgaggct	tccctgggag	ttttggatac	600	
tacgacattg	atgccagac	ctttgctgac	tggggagtag	atctgctaaa	atttgatggg	660	10
tggtactgtg	acagtttggg	aaatttggca	gatgggtata	agcacatgtc	cttgccctg	720	
aataggactg	gcagaagcat	tgtgtactcc	tgtgagtggc	ctctttatat	gtggcccttt	780	
caaaagccca	attatacaga	aatccgacag	tactgcaatc	actggcgaaa	ttttgctgac	840	
attgatgatt	cctggaaaag	tataaagagt	atcttggtgact	ggacatcttt	taaccaggag	900	
agaattgttg	atgttgctgg	accagggggg	tggaatgacc	cagatatgtt	agtgattggc	960	15
aactttggcc	tcagctggaa	tcagcaagta	actcagatgg	ccctctgggg	tatcatggct	1020	
gctcctttat	tcatgtctaa	tgacctccga	cacatcagcc	ctcaagccaa	agctctcctt	1080	
caggataagg	acgtaattgc	atcaatcag	gaccccttgg	gcaagcaagg	gtaccagctt	1140	
agacagggag	acaactttga	agtgtgctgg	atctctctct	caggcttagc	ctgggctgta	1200	20
gctatgataa	accggcagga	gattggtggg	cctcgctctt	ataccatcgc	agttgcttcc	1260	
ctgggtaaaag	gagtggcctg	taatcctgcc	tgcttcatca	cacagctcct	ccctgtgaaa	1320	
aggaagctag	ggttctatga	atggacttca	aggtaagaa	gtcacataaa	tcccacaggc	1380	
actgttttgc	ttcagctaga	aaatacaatg	cagatgtcat	taaaagactt	acttttaaat	1440	
gtttaaa					1447		25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare.

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

ggagtccttc	ttgetcacc	ttgacttgga	aaaaccagtt	tctcttttat	tgtctgttac	60	
taatctctat	tctaaaaatt	cagctcaatt	ctcaaccata	ctccaaactc	tctcttttcc	120	60
agctaccttt	actccctctc	cttcaattcc	actttcctct	gcttactttt	tttttttttc	180	
tgacagggtc	tcactttgtc	gcccgggcag	gagtgcagtg	gctcaatctt	gggctcactg	240	

```

cagcctcaac ctcccagagg cgggggtctca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
5 cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
10 caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctcttgccca ggccagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
50 agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttgcc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctatagtgcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
55 agtccttgga tgggtccggg aactcgcttg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct ccctcctgtc catccccac attccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

25

```

ggctttgtcc tttgtcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcaggttcc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttcag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaagggtcg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatgggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgect taaccaggtg gtggtctttc gaagataaaa aactctagt 660
cctttaaacg tttgccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttaa caggattctg cccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
ttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttacaaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaaa                                     1027

```

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagatTTtga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatttttTga gagccctgat 120
20 ttccagcctc gagaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
ctttttgata gagaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttgattt aagagcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
25 agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaataag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga tttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgttgtag agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatTTt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggTga tgTTTTtagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
30 cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccaggttg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaaat 780
atgtttgccg gttgtacaa aatttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattggaa atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
35 agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac 1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaagcct cccacctctg 1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaaattaca aacaaacctc 1140
40 atcagtataa tataattaaa aggccaaattt ttcttgccaa ctgtaaatgg aaaaataat 1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaact 1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg 1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt 1380
gttgacata gatatggtag tctgtctctg atatttttcc cttttataat gtgcttttca 1440
45 cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaagg 1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct 1560
aaccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaac cttaaatctc 1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaacc aaattcttcag 1680
50 attgttcctc atgaatatcc cccttctctc gcaattctcc agagtggtaa cagatgggta 1740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctcctc ttctctcaa 1800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcaacctag ccctcctgac 1860
ccagggatgg aggttttgag tcccacagtg tggtgataca gagcactagt tgtcactgcc 1920
tggttttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta 1980
55 tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag 2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt 2100
cattgggggga ttgagcagca tttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaa 2160

```

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 642 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

25

```

cgacgggccc cgcgccctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggt taccccggct ctccgcccct ccttctcgcg gcgctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180
ggtcaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacgggtg aaaattatga cattaataag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttggaa gccgcatatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttggg agaagctgag gaatataaag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggt ggtttttgca 480
ttaaactcctg ggggtccattt tacaatccat tatttttgac cactgctaatt tgtggtcaag 540
gagggatgag gaattgtcga ttgggtttta gctggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atctggagcgc gcaagaaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa
  
```

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

10  ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggt agagcggagg agcgggtgcc 60
    ggctgaagcg gggcgggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
    agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
    cgcacggcct gccagcccgg ggcgcagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccg 240
    cgcccgcgc agcctggagc ttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
15  ggctaccgtg ctcaaggagg gctgcttggg gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
    gaagcggaac gctgctcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
    ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
    cccggcgccc ccatctactt cagctgtgtg accgaagggg cggcgagatc cacttcggc 540
20  gccccctgga agatcccggc tggaaacgcc agatcacctt aggcctggtc aagttcaaga 600
    accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
    cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720
    aaggcagctt cgttggtccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
25  tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgtt ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
    gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
    ctcaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
    gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020
30  cttagccccc tggctttgtg ccaggccttg aggagggcag tcccccatgg ggtgccgagc 1080
    caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacaaaaag gagtaccag ggcctggtac 1140
    ccaggcccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
    aagcccactc ctgggggtct cctgtgtgct aggtcctttt gggaccccca cccatccagg 1260
    ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcattt tccccccact gcggtgttcg 1320
35  gcctgaaggc ggtgggggtg aggggggggt tggccattag catttcatgt ctttcccaal 1380
    atgaagatgc cctgcaaaag gcagtaacca caaaa 1415

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtgggtgagc ggcaacatgg cgtccaggtc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtgggggttcc gcagccgccg gatccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttgggagtgt gattaagcaa acggatgttt 360
cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgagggtttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtgtg ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaattgaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctccctaagt aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccac gtaccagcag ctccagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaattgcag 780
gagtagcttt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtt caatggaga 840
gcgacaattg tctgggaggg aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg ccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaa attaccagaal020
aactcagtgg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagtcc ctctacaaaal080
agtagggttc tgtcccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tgggtcaaat atgagtgggt gatttaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaatttaaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tcgcgtcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaccctgc tgcaccttgt gtttgcctgg1380
gagtcactgg agagtgcac tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgtgttcl1440
cttattcatt gttgacacag gggatagggt atccactact tgctgtagaa tgccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gacccactct ggcattctct tgggtattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagtg ttttccttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct agatccgctt gataatttct aagagttcag ctogaataac1860
atctgccatt ctgagtgtcg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaaagc ttgtaaatgc tgatgagggt1980
aaagtgatct ccttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgtagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgtgc2220
cagataatct aagtcttcca atgctgcat caaaccttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttgttag2340
gttggttcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttctgaaga agatgagcca agaattctgct tgcgtatctc2460
tgcttggtc tggctgatgg gctgcatgac gagcgagttt gctcttattc tcgggttgta2520
cacctttctt ctttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaag gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatatcttgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctacccg agtgggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaactcttt tgagcctcac taaggtagac2880
aacctccaca ggggtgttat ttttacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgct
2949

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgctgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg gggcggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca ttgctggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tccgtgactc 60
 aggcagtgcc attcagcaça ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaa cat 120
 gattcaatcc ctacccccc tagtatggca ctagttaga agtatccgct taaaaacctt 180
 catcatgata tccgtgct attaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
 tatactctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
 aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctta aaagtctctt ttttaagtaa attgttgaca 360
 tactgcaaat tttctatgca aacttgcctc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
 aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtggt tacagccaaa agaaatgcct 480 25
 catagtctctt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
 tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
 acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gactttttta aaatataact ttttccttaa 660
 agttttcagc tatagcaaaa ggtagttagg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720 30
 caccctaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgta gcgcatttct gaatctaggc 780
 aaatcctcct tttaccggtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
 gatctctagg aagggtgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
 cccg 904 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1239 Basenpaare 45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 65

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

10 cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggaggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
 gccttcgagg tgccttaggc cgcttcgctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
 cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgcc 180
 gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
 attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300
 ggatcccgctg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga ccaggagaa gatgaccatc 360
 15 ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
 tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
 cctgtgctgt ggagtggtat ttttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
 gttacattct tatgatattg cattaaatta tttccatata ttatataata ggtccttcca 600
 20 tggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaagcttgaagattt 660
 catcttttta cctcatattt ctttaggaatt taatggttat atgttgtctt ttttcctat 720
 gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagt 780
 aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggtattaa ataattttt 840
 25 tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagtctt 900
 tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
 cagtgaatac tagtgaatt gtttgggctg cttttagtct ctcttaataa aaattactag 1020
 atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag 1080
 taaagactct gtcatgcaaa ttttaaccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac 1140
 30 cagtgttctt tcatttttga tcatgcgaaa tgcattctga cccagatggt ctgcagaact 1200
 tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

gccctgagga	ccctagtcca	acatggcggc	gccagcgga	gggtggaacg	gcgtcggcgc	60	
gagcttggtg	gccgcgctgc	tcctaggggc	cgtggcgctg	aggccggcgg	aggcgggtgc	120	
cgagcccacg	acggtggcgt	ttgacgtgcg	gcccggcggc	gtcgtgcatt	ccttctccca	180	
taacgtgggc	ccgggggaca	aatatacgtg	tatgttcaact	tacgcctctc	aaggagggac	240	5
caatgagcaa	tggcagatga	gtctggggac	cagcgaagac	caccagcact	tcacctgcac	300	
catctggagg	cccagggga	agtcctatct	gtacttcaca	cagttcaagg	cagaggtgcg	360	
gggcgctgag	attgagtag	ccatggccta	ctctaaagcc	gcatttgaaa	gggaaagtga	420	
tgtccctctg	aaaactgagg	aatttgaagt	gaccaaaca	gcagtggctc	acaggcccgg	480	10
ggcattcaaa	gctgagctgt	ccaagctggt	gattgtggcc	aaggcatcgc	gcactgagct	540	
gtgaccagca	gccctgttgc	gggtggcacc	ttctcatctc	cgggtgaagct	gaaggggcct	600	
gtgtccctga	aaggccagca	catcactggt	tttctaggag	ggactcttaa	gttttctacc	660	
tgggctgacg	ttgccttgte	cggaggggct	tgcaggggtg	ctgaagccct	ggggcagaga	720	
acagagggtc	cagggccttc	ctggctccca	acagcttctc	agttccact	tcctgctgag	780	15
ctcttctgga	ctcaggatcg	cagatccggg	ggcacaaaga	gggtggggaa	caagtggggg	840	
ctatttttgg	ggaaaaaac	ccatggttcc	cctaactttg	agccggggag	tgctttaatt	900	
gggcttgaaa	ccttttttcc	cggtttttcc	ccagggggcc	gtccttttaa	attaaacttg	960	
agaaag						960	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

taaagctgcg	gcgcggttc	gcgtttctcg	tgtccgcttg	actgacagct	gcgcggcggg	60	
agcgggcggc	gcgagcggga	ggcgcgcgcg	cagagcttgg	ggcttccttg	gtcgcaccca	120	
ccacctgcct	gccactggt	cagccttcag	ggaccctgag	caccgcctgg	tctctttcct	180	
gtggccagcc	cagaactgaa	gcgctgcggc	atggcgcgcg	cctgcctcca	ggcgcgtcaag	240	55
tacctcatgt	tgccttcaa	cctgctcttc	tggctgggag	gctgtggcgt	gctgggtgtc	300	
ggcatctggc	tggccgccac	acaggggagc	ttcgccacgc	tgctctcttc	cttcccgtcc	360	
ctgtcggctg	ccaacctgct	catcatcacc	ggcgcccttg	tcatggccat	cggcttcgtg	420	
ggctgcctgg	gtgccatcaa	ggagaacaag	tgctcctgc	tcactttctt	ccggtgctgc	480	60
tggttggagg	ccaccatcgc	catcctcttc	ttcgctaca	cggacaagat	tgacaggtat	540	
gccagcaag	acctga					556	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cgggggagtg aggagaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
35 atggcggcag cggaggccgc gaactgcata atggaggtgt cctgtggcca ggcgaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcacctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
40 accggcatcc tcgtcatgtt tgctgccaag gcccgggccc gcaaggtcat cgggacgag 360
tggtccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
45 tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tcccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
50 gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag 1080
55 ctgtgcgagc tgcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccggcc 1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct 1200
ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcg 1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga 1349

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

30

ctctgtctca	aaagagaaaa	aaaaagaaaa	gtaaccttca	gagattctta	gaagagttgc	60
tcattcacac	ccacgccctt	gccaaggtct	ggcccaactta	gagcgaaact	taacttttgt	120
ctggatggga	agagaagtaa	gtctaccccg	aggttgccat	gttgaagagt	gagaggtcca	180
agtgattctg	tgcattgaaa	ccaagacacc	ccaccagaa	cacttcttcc	ctccctcagc	240
ccaaacaaaa	ggctgggggt	ctcatctcca	agtggctgtt	ctccaacttt	cccaagccgc	300
ttgcattccc	cagactggac	tactgtggcg	gttaggttag	atttgaagac	ggggccagg	360
ctgggtatga	acgggtgcag	ccctcttctc	ctcttcccc	ccacatctct	catgagagag	420
gtagtggcat	tcccttctca	gggagcttca	atgggaaagg	tctcgaaagc	ttcaggagga	480
gcagaatacc	aacgcagggg	gatggctgta	acgatctcac	cgtctcctaa	cctcagtcct	540
ttttttgaga	gtgaatgggg	gaggggtggg	agggaccag	attttagat	ctctttgtct	600
gggggagggg	aaggatgtgg	tttgacagag	ggaagcagag	tttgaaaacg	catgagagca	660
gagcttcgtg	tggtcccacc	ctcagtggag	aggtgtgagt	gggtgagcat	gtggagttgg	720
gtgttccac	cctcagtgg	gaggtgtgag	tgggggtgca	tatagaggca	gtgcctgctg	780
tggggtcaca	actggtgcat	gccagcgcca	aaggacctg	tctttagggg	tcatttcagc	840
cagctcctcc	catcacagat	gacagctcca	agcctagaag	gggtcagtg	acagggccag	900
gacaagccct	caggactgtg	gcctcctggc	ccttggttcc	cctgccccac	aacatggtct	960
ccacatggct	ggctggctgg	ctgtccctgt	gtgtgtgtga	cacacggtgt	gagtgcaggg	1020
ctgtgcccgg	ggtgggaggg	tgtctatgtg	gcactgactg	tcttagctca	gagctggtgg	1080
atcctctcca	tggacaatga	cactttaagg	attgtcttgg	tttgtttttc	ctatttgtgg	1140
ggtattttcc	ccctcaggct	cctgggtctg	ctgctgcctc	aaggtgtcct	gaccttgagg	1200
ctgatgaggg	gaccctgcc	tgtttcccc	atactgagtt	ctagggaggt	gctcacccca	1260
gactcttagg	aagggtctag	agaaatgaga	ggagcccaag	ccaggggcca	gctccgagaa	1320
agggtaacct	ccacgcttct	ctctcccaaa	ttggaaatga	agacagggtt	tcaaaggcac	1380
aggctcccc	tgccagcttc	taggatcttc	cttggtgtgc	aatgggccag	ttaggggtag	1440
gcagcttgca	cccagttctc	ctttatctca	acttattttc	ctggggagag	gtgcctagag	1500
ggattgaggt	aacttcaact	gggaattcca	aggaaggtgg	gcaagtagcc	ttggctctct	1560
cccaccatgt	ccatcaggat	tgagagtgtg	tctagctccc	gaccactttg	tcttgacctt	1620
ctgaaaagtt	gggaactgag	gggtgccttc	attccccctt	gttcactttc	tccagctcaal	1680
cttgggactt	gggtggtggg	actggagacc	tcacccctgc	tcccgctccc	ccccctttct	1740
atcccaacct	gtttccatgt	agcagaccct	tcctagggag	cagggagggg	aagccacaga	1800

65

ttgcaaacc aggggctcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatacct cagcccaaag1860
 gcgatgcccc cctgcccact ccaagcctgg aattgtgcat aaccgggac ttgtatcttt1920
 gtataacgga tgttatttgt acgaaggga gttcgtaaac agcacttggt cttttaataa1980
 aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Sequenzierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56 :

gcgaccgcct ctactggaag ttgacectg tgaagggtga ggctctggaa ggcttcccc 120
 gtctcgtggg tctgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
 gcttggatgc cctcaggggt gctgaccct gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
 atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tctcagggg 240
 gatgggggtg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtgggtcac 300
 ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggccttggc atgacttaag aggaaggga 360
 gtcttggggc cgctatgcag gtctggcaa acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
 tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480
 gaggttcctt ccaggggctg gcaactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
 ctggctgagc aactgggctg tagggcagg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtagggt 600
 cctgcactctg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
 aaaaagttca cagtcaaatg gggaggggta ttcttcctgc aggagacccc aggccttggg 720
 ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgcagca 780
 ctgctatcct ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
 tttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

25

```

ggcggggcct gcgggcggac cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcggga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120 30
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgctgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggcct cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccaactcggat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360 35
cccaggcgcg agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgtcctt ggaactccatg gtggagggtc acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccggtg ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgtatcg ggggttttga aggcgacggg gagacagatc ctccactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggagggt 660 40
ggacgtgac cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcgggggtg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcggt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtctctcttg tctggttctg caccctctc gctcccagcc atttgctggg 900 45
atgaccgtgc aggcgggtga cacggccgca cctgccccaa agcgggcccgc ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cgccccctcc 1140 50
gccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcac gt
1212

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtaa agctgagctc acagcaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctgtcac gctggccctc tgctgtacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc ccctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc                                     494
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 729 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

tttttttcct tgggaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttcctt ttctgaatc tcataatgat tcttgccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaatgata ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagt caccacggca aagagcctgc catactgcc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tgggtgaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaagggaggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcc gccgccctaa ggtgaccgtc 660
agggaagatg ctgcatggc cgcgccatc ttccgcagc ctgcggccga aacggaaacg 720
acgcgaacc 729

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1315 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat cataccact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggagcag aaggaggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tgggtgtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc cccctccatg atgggtggcagg ggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcagggtg gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg agggccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540

```

```

aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaaagt tcctttttaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcacccg agtcacccag 720
5 cagggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagaccctgag cagttctacc ctccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccc aaggcactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
10 aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca 1020
tcctgaagat tattaataag aaaagatgct gattggtaca taaatctttt acatggcctt 1080
ggcttagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac 1140
cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatattg aaataacctc ataaagagag 1200
15 agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct 1260
gctgcagagt ggggtggtgt agggtcagca ctgacccagt ggggtcaaga acaat 1315

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 25 (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (iv) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaattctac 120
55 ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
60 ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggccttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgagggt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
65 ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct cctgagtggt cccctccatc cactgccctc ctgctgcagt atgtatcggc 780

```



```

atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtcag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct cgtccctac acaggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020 5
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcaatgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagtgc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcctg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt1260 10
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttattttaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560 15
ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaata gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tatlgaggcc cttctctgtt taatgcata tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaacct aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgc1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgtccacc tcgtctcata a 2011 25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung.
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaaggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300 65
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360

```

```

cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
5 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaactctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
10 agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catgggtggc atgttgggta 900
aatttgata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg tttttagagg gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga 1020
15 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag 1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgttaatatg 1140
ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga 1200
tgcagaggtt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaaggg 1260
acacttagta tgcctaaaaa ttattcactt gtttttcttt ttttatttga aaactatca 1320
gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctgagatttt aaagcactat attaaagaaa 1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag 1440
agggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat 1500
aaatggaaaa tccttaaat atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag 1560
25 aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga 1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat ttttgatag 1680
attgttctta caactgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg 1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggcctt tccccattt gttaaatttt tttagcatat 1800
30 ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt 1860
agtgcccaga tgacaagtga attttgagga aatgcataga ctgggattgg gcattgtggt 1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttgttaca 1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc
2009

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gacctggcct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgactttctc cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtcttggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccag ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca ccccggcagc tgtggcgagc gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcgagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgaagt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttctg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaaacg aggcggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctgagggca agaagagcaa gcacgcgcc 660
agaggcacc acctgtggga gttcatccg gacatcctca tccaccggga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggctcttca agttcctgcg ctccgaggct 780
gtggcccaac tatgggcca aaagaaaaag atagcaaca gacctgaa gaagctgagc 840
cgggcatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtggatg ccggcgactc 900
gtctaagaat ttggcaaaaa ctcaagcgcc tgggaaggag aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgaggtt tggaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gcagggcagg ccagatggcc cctccaactg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgtatt tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgct cccaccctc ctcttggaa tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttctctc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactccctaa1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtctg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaaatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgaggggta gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcagggtgt1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcagcaaaag gaagcagctg aactgttg1860
agaactgcta caagacttca tgcagcagc gacctgaaat cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacct gaccaagtct gtctgatt1980
ggactgattt ttcctattag gctaggggtt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatgggtt tgcatccag ccaagtgtgc tgtaaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc tgagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac ttttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcag gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacttttcaa agccttcttg gctgttagg ggcagtggag glayaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccattag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgatttct ccctccttcc ctcccttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
taaactctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaactctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaacaac agatgagggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
ggatttcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaattaa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt gggtccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaaca ttaccaatca 1020
tattaatata atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggcctg tagaagcatg 1140
gtgacctggc ttctctttagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aggttattct 1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tgggggaagt atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaag aggaagtatt ggggaatacct tgggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggtattc ccatcccctg tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaaag 1680
aaaccctagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcata 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctggt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaa aaaa
1874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 687 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
caciaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggtgtg 687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

```

5 gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
  tgttcccgcct gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaataca 120
  ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttccctggg aaagtagttg 180
  tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
  gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattgggtg gccaaagaga 300
10 tccagaccac gacagggaac cagcagggtgt tgggtgcggaa actggacctg tctgatacta 360
  agtctattcg agcttttgcct aagggcttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
  tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
  acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaacca tctgctgcta gagaaactaa 540
15 aggaatcagc cccatcaagg atagtaaag tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
  tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
  gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
  ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
20 tcaatgatat tatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactccctag tctggttcac 840
  agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcttttca 900
  gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
  tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
25 gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaatga ttctccttca1080
  aggttttcaa aacctttagc acaaagagag caaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt1140
  ccagttaaaa ctcagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
  ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gacctcata1260
  tgacctgcac agctcatttt ccttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320
30 agcaggggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctccca1380
  accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaal440
  agactggctc aggagcaggg cttgccaaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
  agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc 1528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68

tcaccaccga	gtgatgtgct	gaggcctcct	gcagtgaatg	ctccttccat	tctgtactc	60	
aggcagtgcc	attcagcaca	ggagagctct	ttttgccttt	ggctttcaat	tccaaaacat	120	5
gatttaattt	ctaactaaat	tagtatggca	ctagttatga	agtatctgct	taaaaccctt	180	
catcatgata	tctgtggat	ttaaaaactc	taattccatg	ttttcttccc	atctgcctta	240	
tatatctcat	cacctgctt	atcaatattc	agtttgatga	gcactattaa	ctaaaaatag	300	
aaacttaaaa	acaaaagcaa	gttgtcctta	aaagttcctt	ttttaagtaa	attgttgaca	360	10
tactgcaa	atttctatgca	aacttgccctc	ctgctgttat	ctgtgaagct	caggaaatcc	420	
aaacatttgt	gtttcaacaa	gggacagtaa	actgtgtgtt	tacagccaaa	agaaatgcct	480	
catagttctt	aacctcaact	ttttagaag	tatttttttc	tctgtaatat	ttttattggc	540	
tcataaagat	gttttcatat	ctgaactcct	aaataagtga	aattacagta	gattatatta	600	15
acaaaatact	ttttaggtag	ccatgcttga	gactttttta	aaatataact	ttttccttaa	660	
agttttcagc	tatagcaaaa	ggtagttatg	tatgccagac	ctaataatgag	ctgccaccaa	720	
cacctctaga	actttcagcc	atgggtgtctt	cagaattgta	gcgcatttct	gaatctaggc	780	
aaatctctct	tttacccttt	gaatgttttg	aatgccttga	ctctctcagc	ggccttaaat	840	
gatctctagg	aagcctcttt	aggtaccaat	tctgtttttt	caacttttga	aggtaaaaaac	900	
cccc						904	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

RDTVVG	GDGTE	RSVTAS	RASA	PRPWQS	QTDS	DSDSE	GGAAG	GEADM	DFLRN	LFSQT	LSLGS	60	
QKERL	LDEL	TLEG	VARY	MQS	ERCRR	VICLV	GAGIST	SAGI	PDFR	SPST	GLYDN	LEKYH	120
YPEAI	FEIS	YFKKH	PEP	FFA	LAKELY	PGQF	KPTICH	YFMR	LLKDK	GLLLR	CYTQN	IDTLE	180
RIAGL	EQED	LVEAH	GTFY	TSHCV	RPSA	GNTR							212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

20

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

40

OSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STOPLVKRW GO
ASLKTQTKN H

71

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

50

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

5

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

25

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
 NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

60

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLQVHP DTGISSKAMG IMNSEVDIF ERIAGEASRL 60
 AHYNRSPTT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSK 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHVSVC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
 DPLYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMW 120
 SKPRNVQILN MVTRQALWA NTLGSLALLY SAFGVIIKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
 KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79	
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60	10
RDLVTTQQLPH LMPNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFEW LIGEAASVK LERPVRGH 118	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:80:	15
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	30
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80	35
NLSPLPPPCT LACTCPHLCK VQLPSPGLCA LCLGCSGELM GGGVSTRGRL RGLVGPGMNI 60	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:	
(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81	
	65

ASRGAEQDGG ASAARPRRW AGGLLQ⁹PAP CSLLRRLRTW TS³SNRSRED SWLKSLFVRK 60
 VDPRKDAHSN LLAKKETS^NL YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHPCTLVGT 120
 WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLEFS 180
 FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGTMI EWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLY^MV 240
 HHLWAYRDLQ TREDIRNAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
 SRIPGVPCWF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
 GFTSQ^TARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFRLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSEFY 60
 LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120
 ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180
 LRESQSYLVE DLERS 195

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

45

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

65

DE 198 13 839 A 1

PGLAAGLATL LLPSPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

35

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

55

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRERRLQ IEDFEARIAL LPLLQAEADR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

65

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLVEVSQK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFLHRIE HNYFYCSYIA CQIKSFYTKG 60
V 61 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 284 Aminosäuren 15
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTM R PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60 35
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFBK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSF KQEWLANCA AESRGLVCE DGPVFYPPPK KTKH 384 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren 45
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

65

QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNEVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMTFLG WSQLEFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHLEQCCLL VDDLLFFMTG 60
 ISGICFLAVF STELPPW 77

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

25

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
 LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLV 120
 GAAAALPWPG TR 132

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLOQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRLWF 120
PWASTLGSWP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS KMAAVSMVSV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVE EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTFE TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE PKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGPLP 106 5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTQVQ PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180 35
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPQ KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVLC 308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 388 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSPQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60
IGKGSFGKVL LARHKAAEEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120 65
FSFQTADKLY FVL DYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AETASALGYL HSLNIVYRDL 180

KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST ISTFCGIPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
 GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
 DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
 SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLDFDW SVHSPAGMAL SVLVLLLLLAV 60
 LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
 IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVLG SAVGYLAYP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
 CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120
 MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPO RD SEGRLOADPO RFPHGIRQLA NYVHSGGLKL 180
 GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
 NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSFNQE 300
 RIVDVAGPGG WNDPMLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360

QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE KPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLLTDL E KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSEF ATFTSPSPSIP LSSAYFFFFS 60 30
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

35

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

55

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20

MSAPSSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTROCKAG SLPRVLEST,PHIPLSVLVI 60
SHKELLEFSIA KKKKKKKK 78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPD SELGAGDI 78

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60 10
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

15

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

35

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

60

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60
PEGLWNGSRN CQTCILILAFP LFFKSGAQIS DQHSCEFQIGE TIK 103 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 5 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAEY 120
KEARLVLD SV KLEA 134

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
55 RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

60

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```
AWSSSRTRSRP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSFTHATH HTPAEVKAAS LFPLACGGTA 60
VLEWVRWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGRR LRRAEDEDAA PGWSQTLK E PAQLERATGL 120
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRRAV PHGVPSQRLR EQEASLVPKG 180
VPRAWYPGPI QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLRSEW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
PPLRCSA 247
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```
SKLNSYYGNV PVIEVKNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGE RRKVYNPRIRA NSLVMQPIQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMLVF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAE ESIMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360
MADVIRAELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

MAGRRVGAEP GPEVERRWWR RRLWQLGTEG KNQHDSSEAL QVLLCHSVSR LSPFAEEHWC 60
YSSGI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120	
RGFYLPKLLK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60	
GVGGSSY 67	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :	
(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren	15
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121	
AACIALRIAA AMASCSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60	35
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120	
IHENYRING 129	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122 :	40
(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	45
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122	60
	65

NATPQHRCFS LLSIYAVVFM DFWPNVTDKS QEVVQDFIPV LPEVCLEDGH LLLGLLLHFS 60
 AATATGSQCR SFLGLEFFLP LQAVLFNFSL SFFGLLQPP VLSFAGLGHL LGCPILGLQQ 120
 LLNPLRLTSH GGSDSESKAS GLRHLEGPLG QLTQPPTICA CSLRLPS 167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVERSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60
 DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120
 YAMAYSKAAF ERESVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

AVTSSPVAGG TFSSPVKLKG PVSLKGQHIT GFLGGTLKFS TWADVALSGG ACRVAEALGQ 60
 RTEGPGPSWL PTASQFFLPA ELFWTQDRRS GGTRVGNKW GLFLGKKTHG SPNFEPGSAL 120
 IGLETFFSGF SPGGRPFKLN LRK 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

EAVGSQEGPG PSVLCPRASA TLQAPPKAT SAQVENLRVP PRKPVMCWPF RDTGPFSTG 60
DEKVPPATGL LVTAQCAMPW PQSPAWTAQL 90

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYL FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

SAAAWRAPAS RPSSTSCSPS TCSSGWEAVA CWVSASGWPP HRGASPRCPL PSRPCRLPTC 60
SSSPAPLSWP SASWAAWVPS RRTSASCSLS SGAAGWRPPS PSSSSPTRTR LTGMPSKT 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPN A EDMSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVD VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WVENYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFDIDL FKGQLCELS SCSTDYRMR 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAHEYQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120 10
GRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

35

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

40

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

60

QGQDKPSGLW PPGPWFCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGPLP VSPILSSREV 120 65

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLETKE DPRSWQGE PV PLKTC LHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60
HFSRPFRLRVW GEHLPR TQYG GNRQGS PHQP QGQDTLRQQQ TOEPEGENTP QIGKTNDNP 120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMR FQTL LPLCKPH PSP 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSL S KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
60 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60
GHLGCGHQA WD 72

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

20

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60
QGGFGMT 67 45

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTREFPV ISVVGYNCG KTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLI GWSPNHSLEF KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYOAN AEFCPALVSE 60
LLDFFFISEF LFKLSLAKFD APPEAVAACL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138 :

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVITLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTSFP 60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120

DE 198 13 839 A 1

VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCCL NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEEVKKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120 30
RQWKVTSIDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

55

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAARKLKL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180 60
C 181

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
 YDPRSLYERL QEQRKDRKQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQOE LIEKQRRREE 120
 LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRERSRER KHSRERSRNR 60
 AGKRSRERSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
 KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60
IKMKVKKNQI NEVEAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120
QTNMIVEGAK V 131

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLGRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN*

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMADLDINA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMEGDEG PCNHHKPGLG EGTP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
 VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
 SIRAFAGFL AEEKHLHLVLI NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180
 ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGGGV 240 5
 TTVSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWLFPSF FIKTPQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
 GVGGSSY 67

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63 und 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-

rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 72, 76, 77, 81, 84, 85, 95-98, 102-104, 107-109, 119-127, 129-144, 147.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

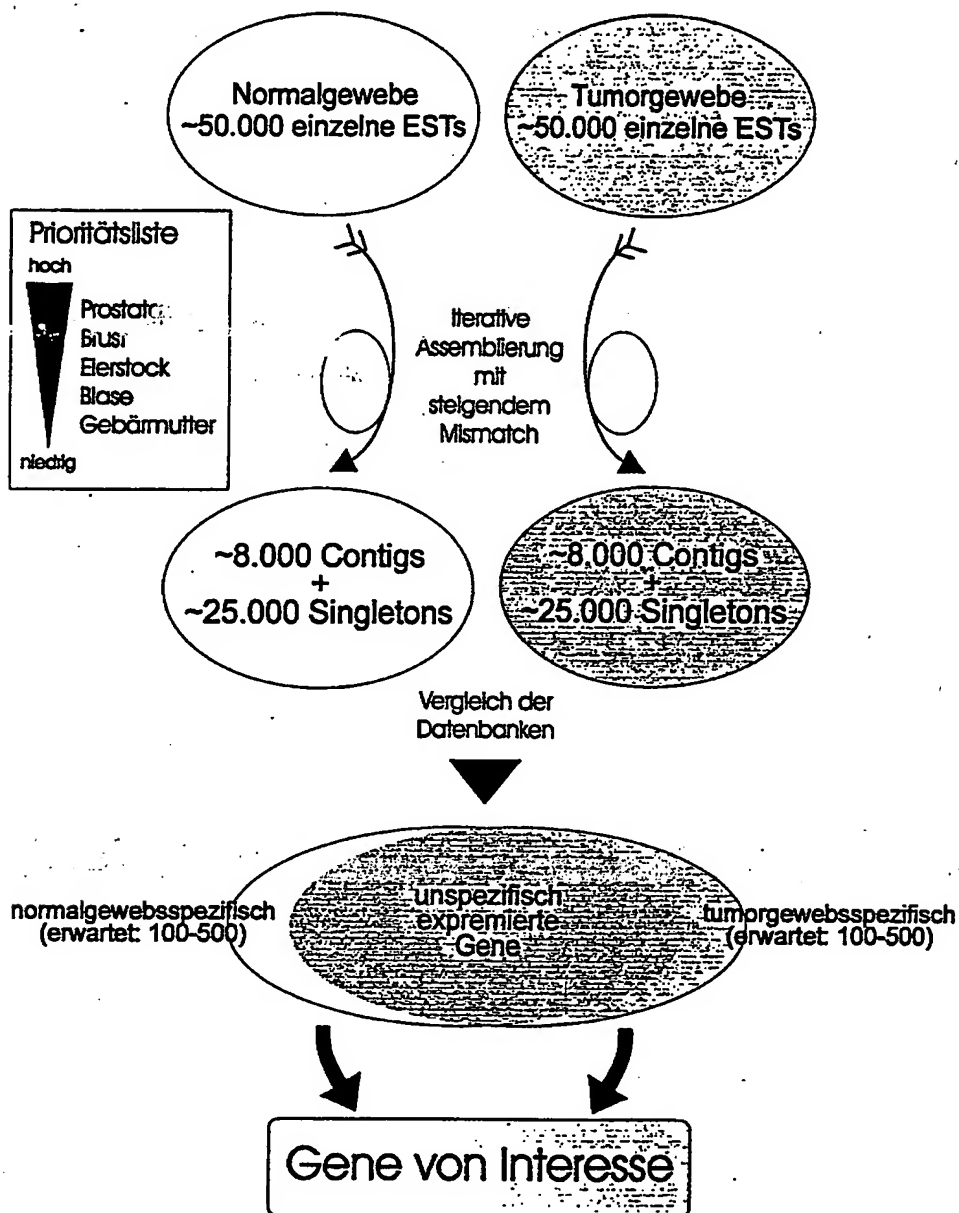


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

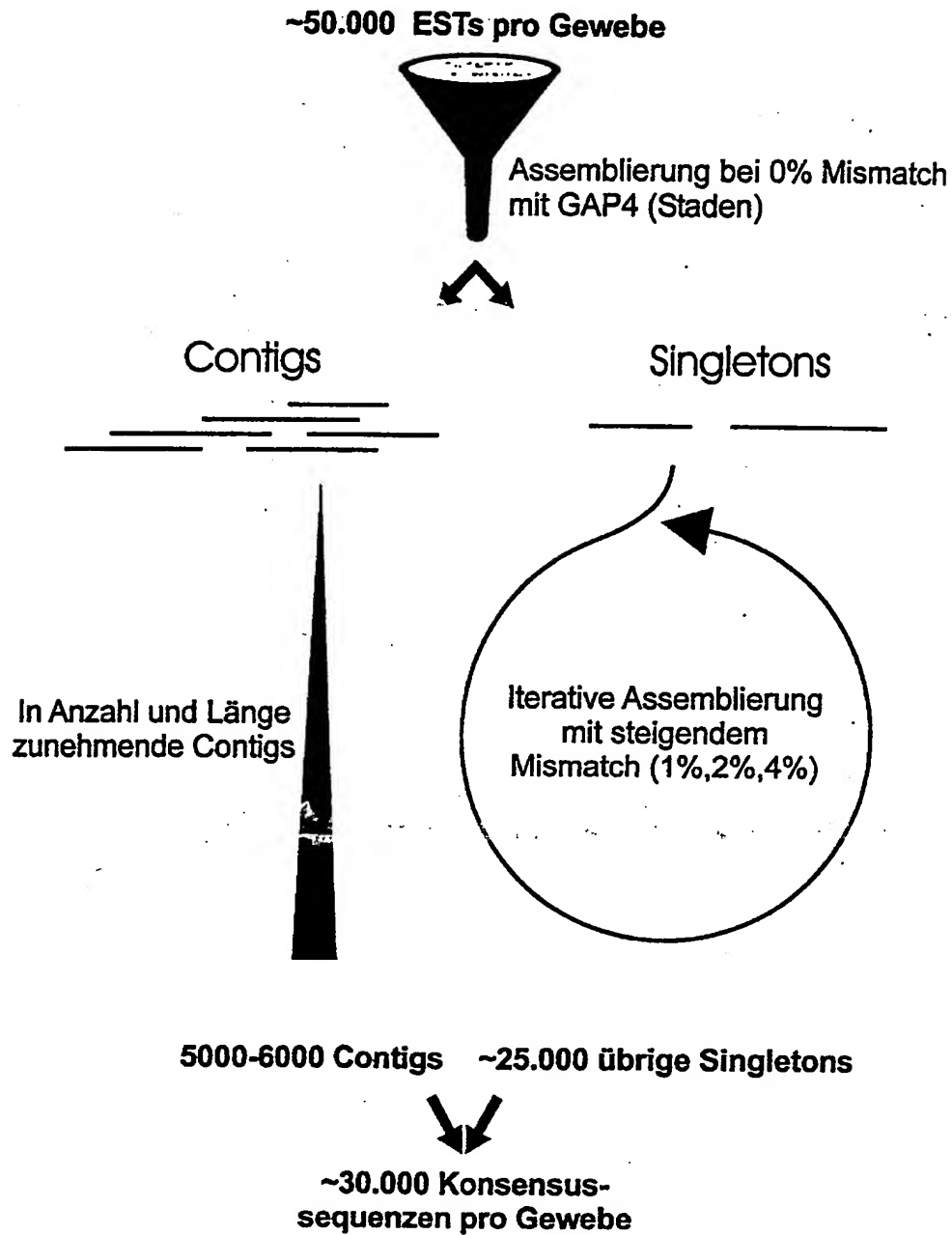


Fig. 2a

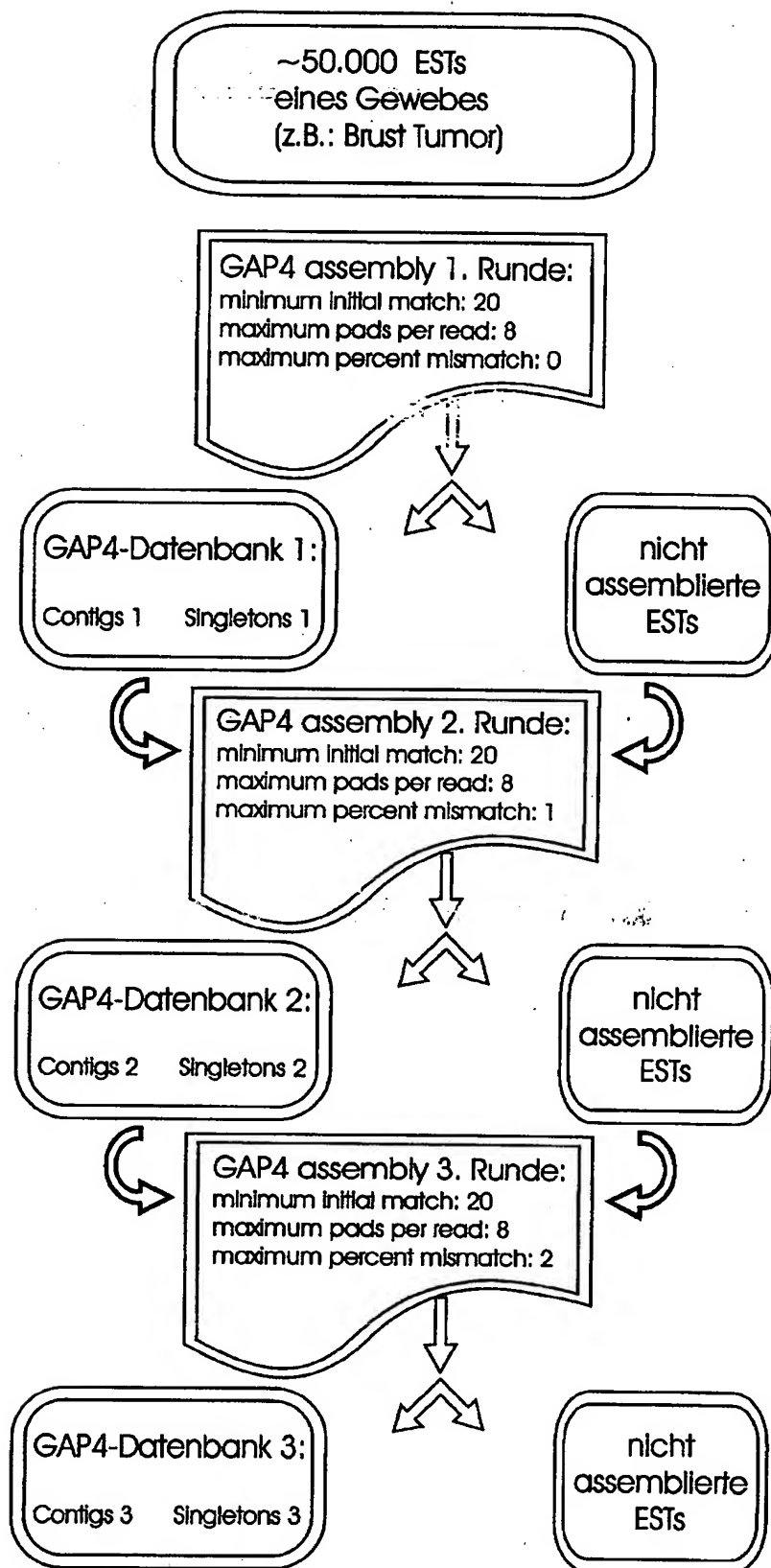


Fig. 2b1

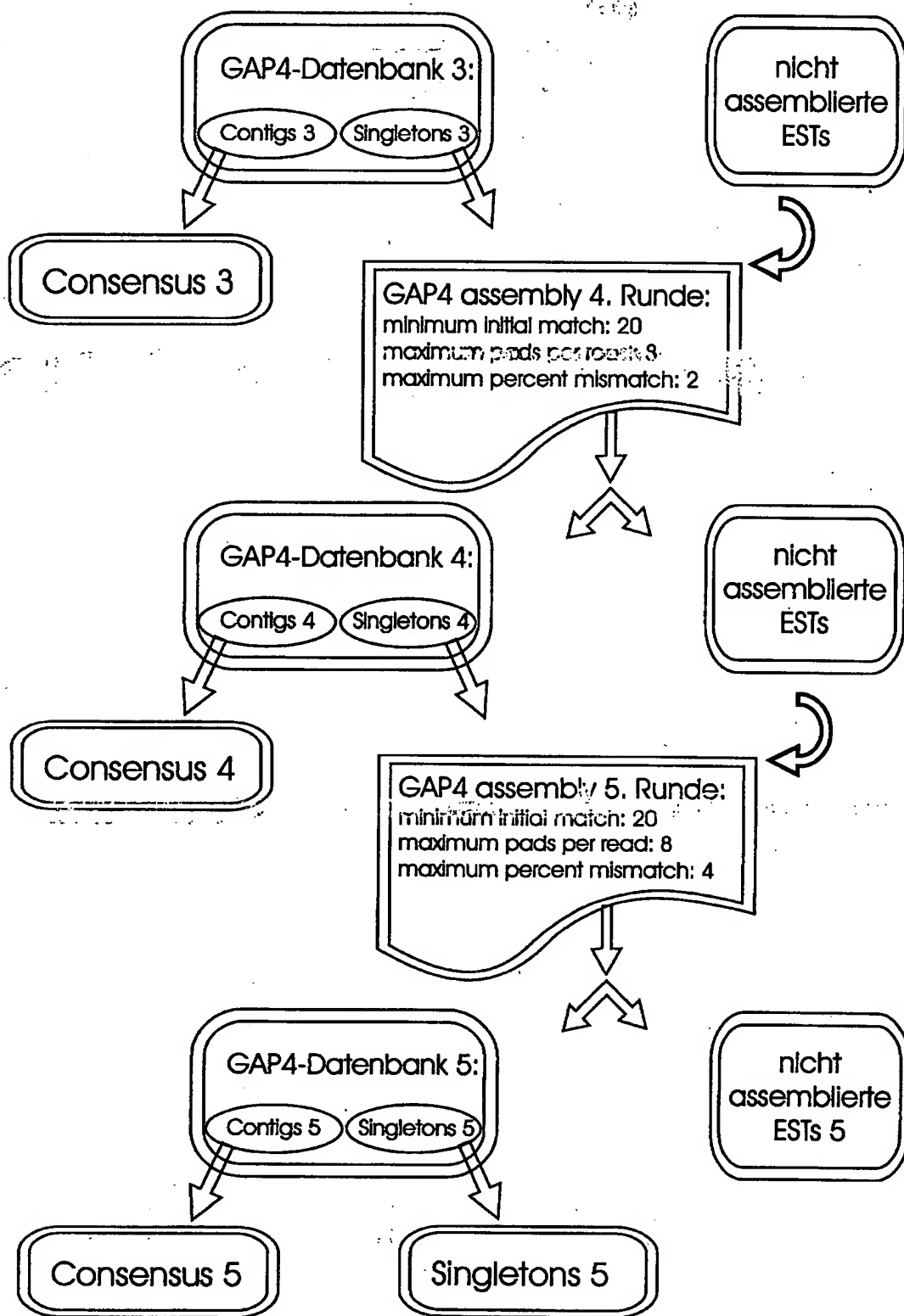


Fig. 2b2

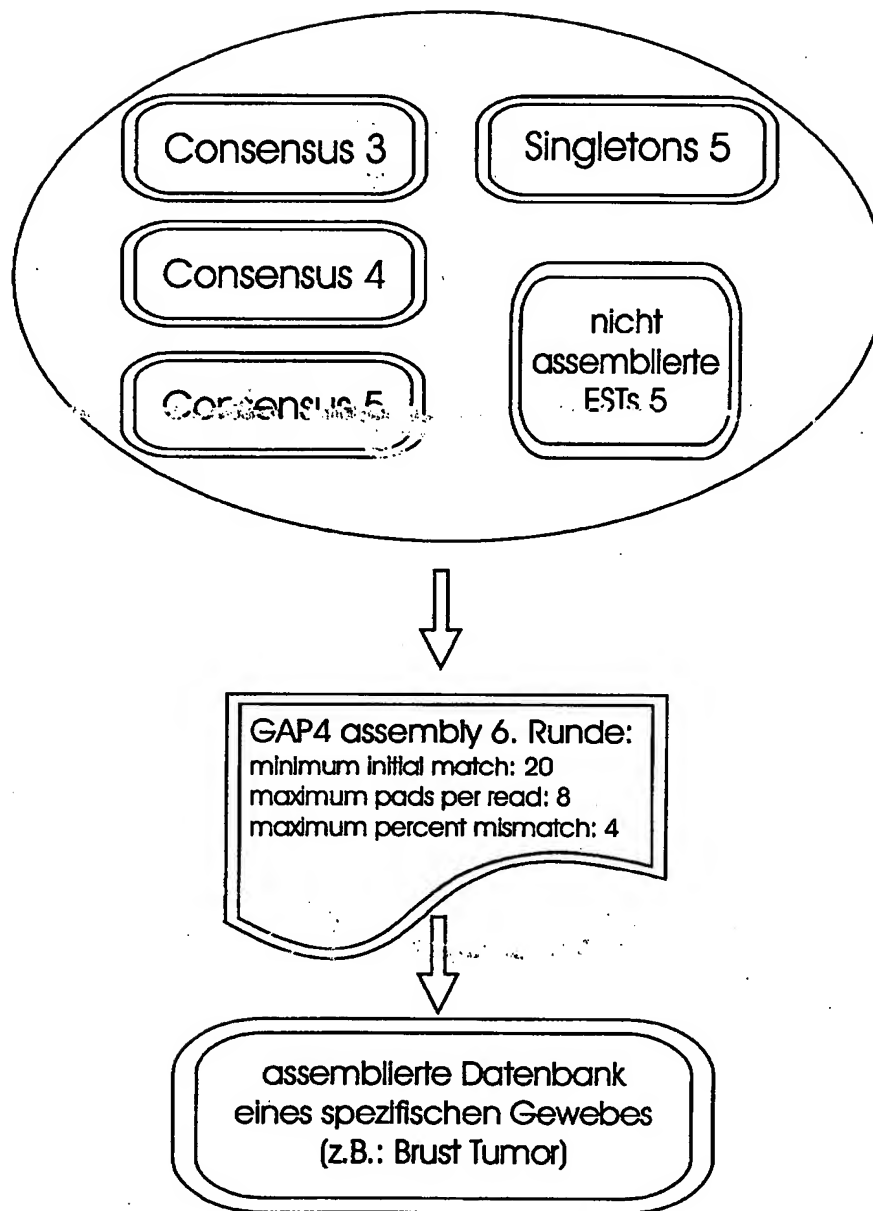


Fig. 2b3

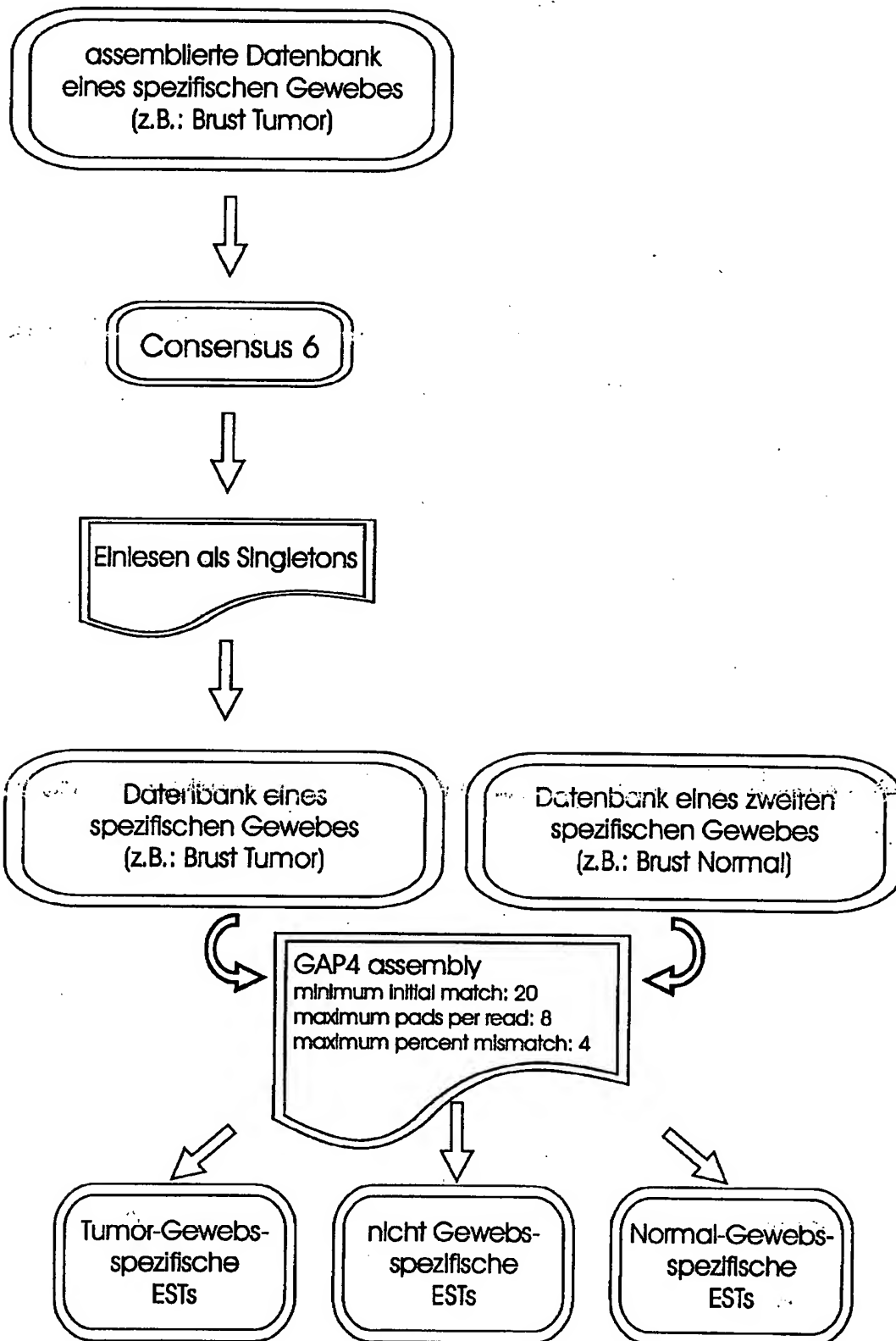


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

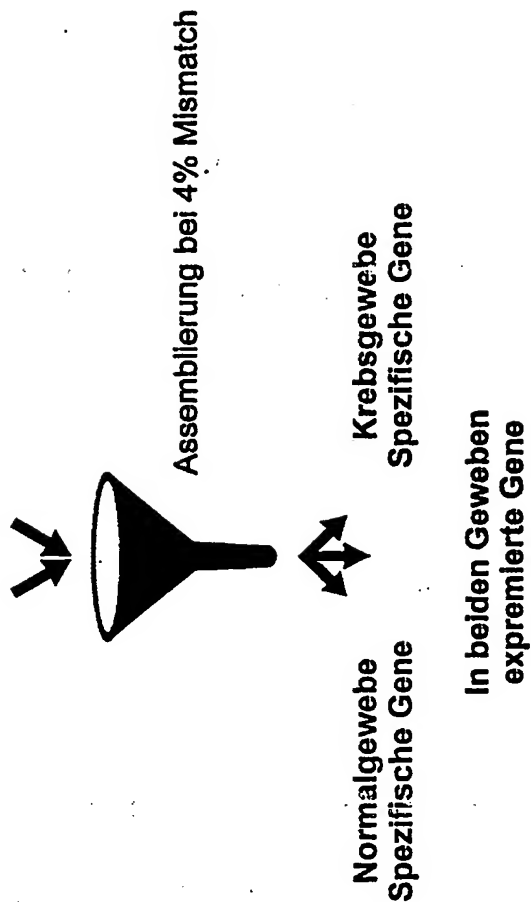


Fig. 3

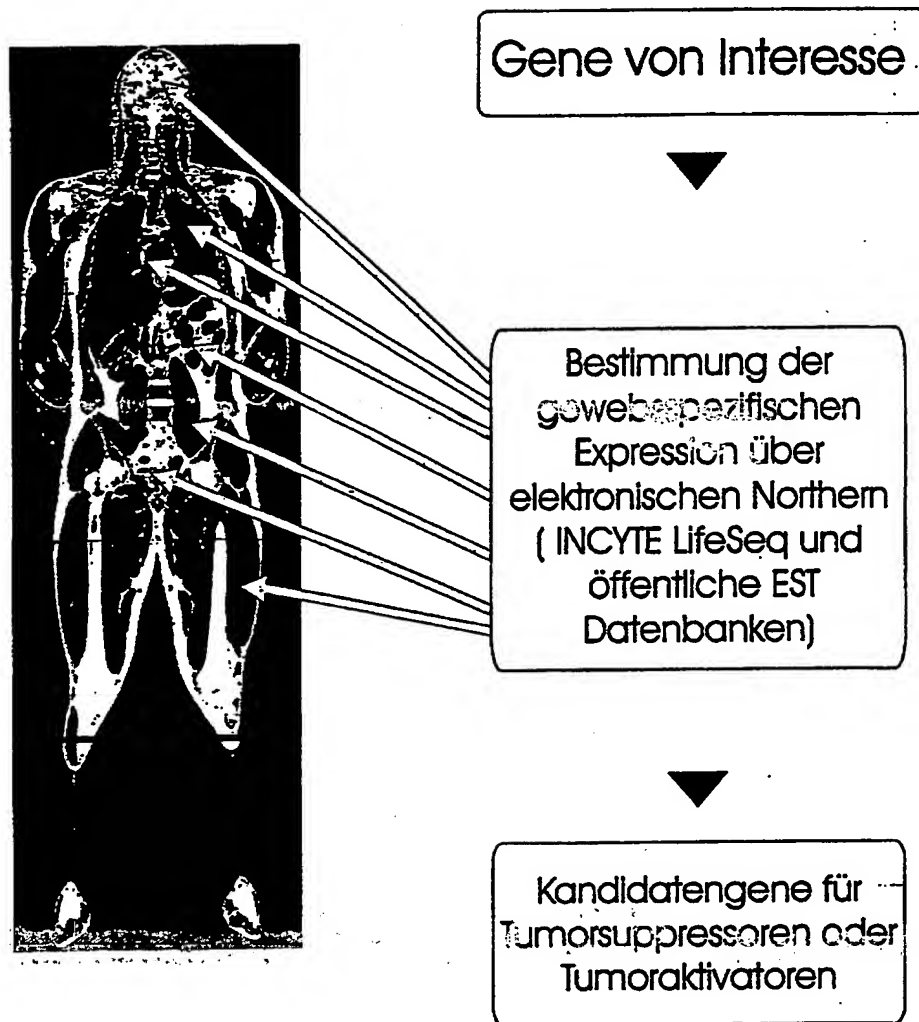


Fig. 4a

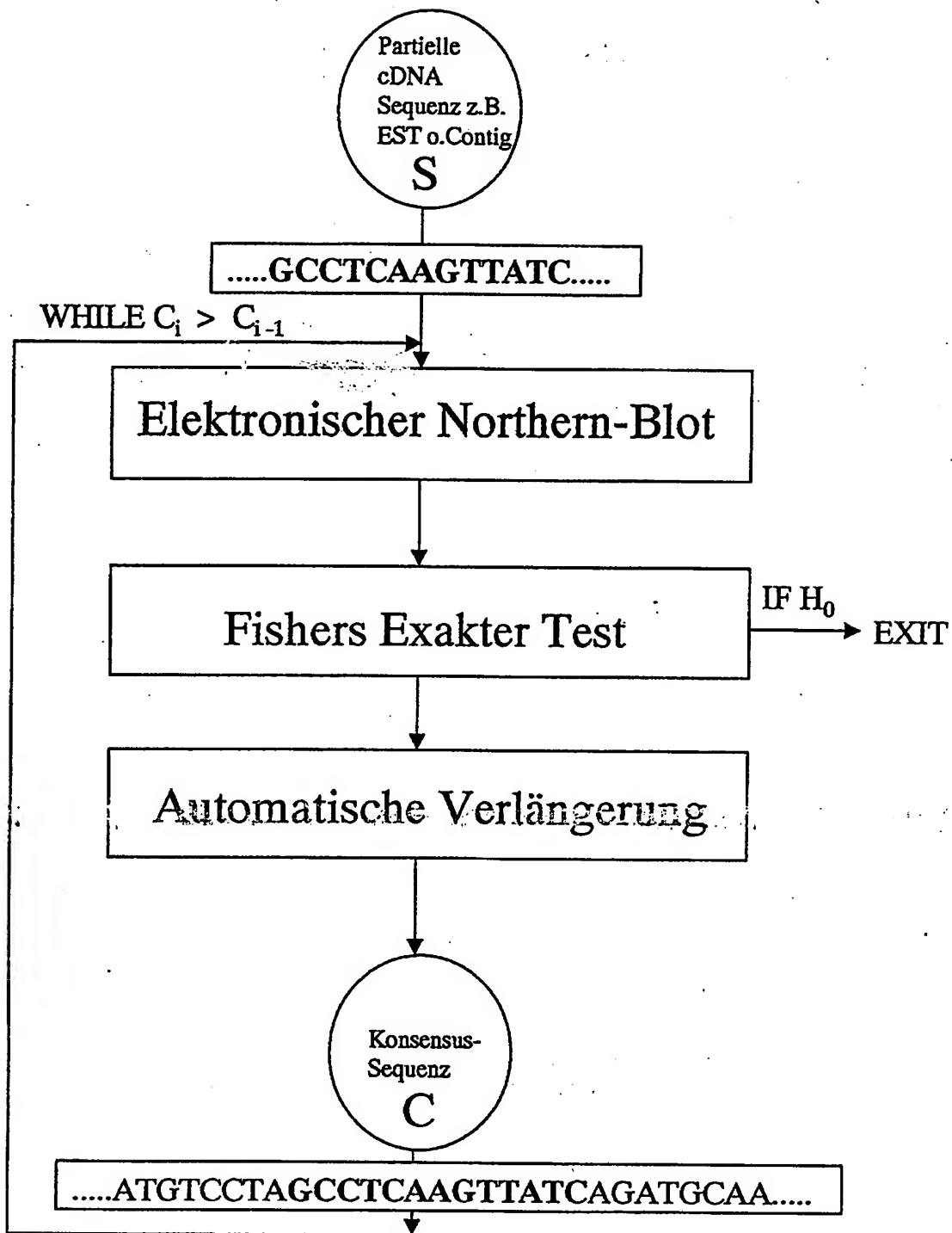


Fig. 4b

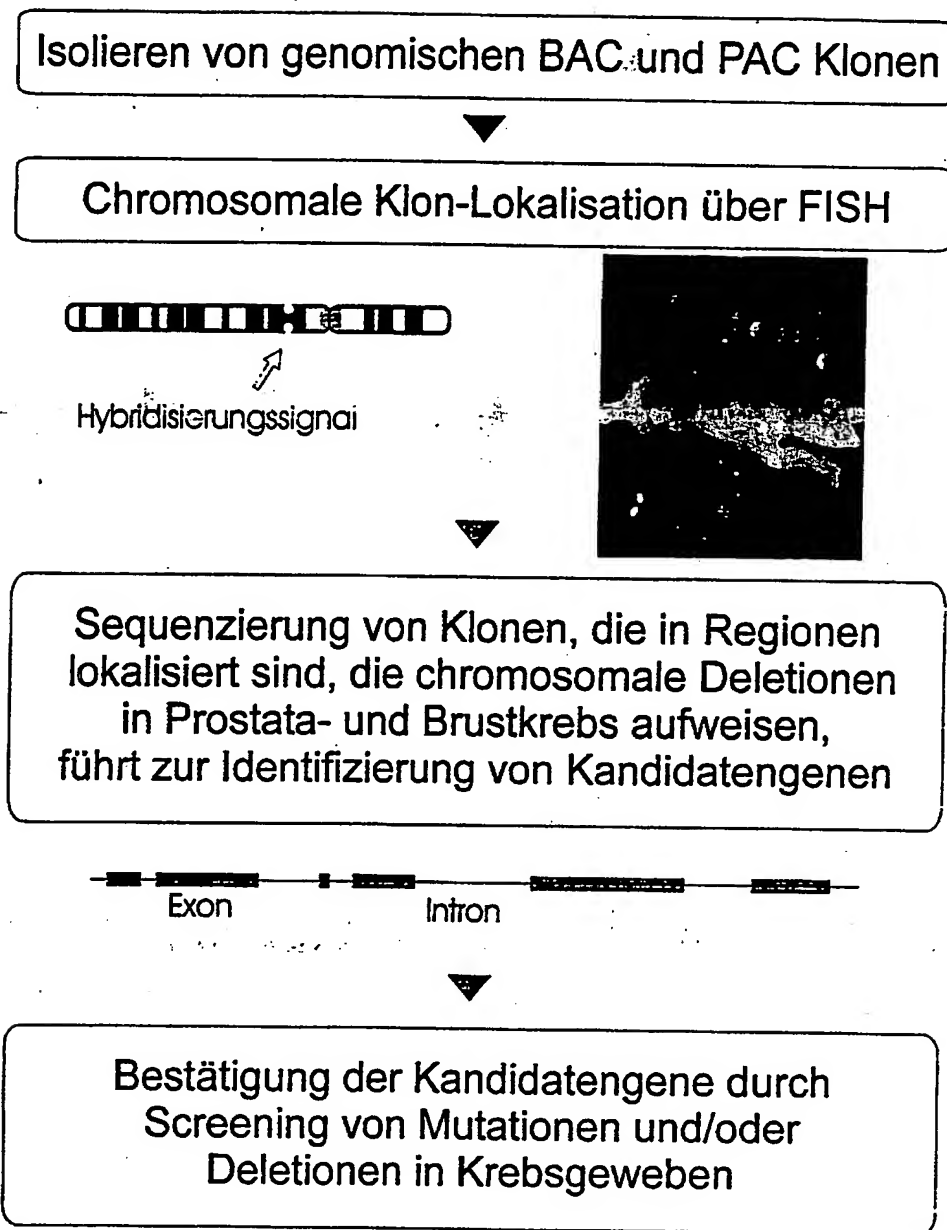


Fig. 5